

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagaccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattgget cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc gggtcggagc cccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
15 ctgccccgcg ctgtcctccc ggtgtcccgc ttctccgcgc ccagccgccc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctggaactcc 300
ggcgcctcgc cccttccccg gctccgctcc ctctgcccc tcggggtcgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccctggctcg ctgctgctgc tcttctcgc ctgcactgc tgcctgggct 420
cggcgcgcg gctcttctc ttggccagc cgcacttct ctacaagcg agaattgcaa 480
20 gcccattccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccgacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcaggt 720
gaaggaccgc tgcgccccgc tcatgtccgc cttcggcttc ccctggcccc acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt ttccccagc acaacgacct ttgcatcccc ctgctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtaa aaatgatttt gactgaaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat 1020
ttacaagctg aacgggtgtg ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga 1080
30 cagcttgtag tgcaacctg aggatagaa cgacatcaac gcgccctatc tggctatggg 1140
acagaaacag ggtggggagc tggatgac ctcggtgaag cgggtgcaga aggggcagag 1200
agagttcaag cgcattctcc gcagcatccg caagctgtag tgctagtcg ggcattctga 1260
tggtccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc 1320
ccgttcccc aacacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcctc 1380
35 tttgcacgtt tgcatcccc gcatctctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt 1440
tttcacctaa aggaaaagcc caccgaatc ttgtagaaat attcaaaacta ataaaatcat 1500
gaatattttt atgaagttaa aaaatagctc actttaaaagc tagttttgaa taggtgcaac 1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgtgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc 1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt 1680
40 cacaaccctt gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg 1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa 1800
ctgttatcat tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaaccat 1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga 1920
gtactttaag ccttggttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta 1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc 2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgat ataaacttta catcctgttt 2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgccggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccgga gatagaaccc 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcgga cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcgggccc cggggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaagg tatagggcgc ggcaagggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccctgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcctggagg tcaccaagga ggccctttgac agatcccttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccagggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac agggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgc gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgccaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagt accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccgggtga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctacccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgcgcacatg gagctgttcc tcgcgggccg ccgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaaag tatagggcgc ggacagggtc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcgcatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccgcgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcttgaggg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac agggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gcccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgcaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagt accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccggtgga agggggcttc tgggctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtgg tttctgggaal80
 ccaccaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360
 10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaat tttgagttt ttttgcaggg atagctggga480
 gtatggccac cctgctccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657
 15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaa180
 ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300
 10 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtctac ctgggcggac tggtagtaca360
 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420
 tgagaacacc cgatcgagga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480
 gtatggccac cctgctccac gatcggttaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600
 15 ccgagggggt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggccggcgag gaacctcagc agcagaagca 60
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctctctg tgtcagagcg180
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240
 45 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300
 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggtatgaca gcaaggagtt360
 gcagcggttc aaggctgtgt ctgccaaag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480
 gcagacctct gtgcgggacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540
 tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600
 50 gcacttcacg gagggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgtgggcc caggccctca gcgtgtccat720
 ccagggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccttga780
 gggcttccga gcccaaggtc ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840
 55 tttttacaaa taggggtttg gtt 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgcc gcaagccatg atgaccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcacctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgctcacc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
cgcaggcggg actcagacaa atacaacgtg ccatttctg cagcagatat tgcgcagaac 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaagggccccc tgccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggcctt ctccacagag cttacctcat actccaacga ccccaaccgc cccctgaact 180
cccgctacccc aaggcccttc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggacccatc 240
cgcaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaac 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcata ttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt cgcagcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg tttaaagggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccattgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaaggggccc tgccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccgct ctgctgactg ccccagaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcag aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaact 420
aaagttggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgtg 480
20 gaatgaggtt tttgaggtga tgcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttgagca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcttgagc gtctcaccct cctgcccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccctt gtctgggatg agagtgcctc ctttctcctc aggaaaccac acactgagag 960
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcggtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020
ctcagagctc ctctggctg accagctctg cttggaccgc tgggtttacac tcagcagtg 1080
30 tcaggggcag gtgctactga gacacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcgt ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc cagggtgaaac tgactctgtg 1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggctcag cattgttcat ggttgccggt cccttcgaca 1380
35 gaatggacgt gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggcaccag aggaggacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tcttctatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttcgt 1740
ctcgtctccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaagg gcagagcctg 1800
tgcccttcag ccctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctga ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctggt ggcggggacc 1920
tgagctggct gtttctgct ttgctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gactagcag tggattagc ttatgccaaa 2040
tacagcttg gaaggatctt ttttcttta actagatggt cacctcttcc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc aggcccccat gtccagttct gtccccactg tcctcaacc 2220
tgtctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gagctcctag 2340
ctgggtgatac ggagagggct ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa 2400
gtgcctagga tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgacca 2460
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaataaaa 2520
ataaaaaaaaaa aa 2532

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccgc ctgctgactg ccccagaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcagt aggatcctgt acttggtattc 180
15 atcagaaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgtctcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaact 420
aaagtgtgca ggacgaagct tccggagcca tgtgttctgg gaagatctca atccccgtg 480
20 gaatgaggtt tttgaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcttgagc gtctcaccct cctgcccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccccct gctctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaaccac acactgagag 960
cctagagttg caggttctggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020
ctcagagctc ctctgtgctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtgg 1080
30 tcagggggcag gtgctactga gacacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcg ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggctag cattgttcat ggttgccggt cccttcgaca 1380
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggcaccgag agggagacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtg ggactcccc tggatgagc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tcttctatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtgtatg acctgatgga caacaaggac 1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgcctctgt 1740
ctcgctccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaagg gcagagcctg 1800
tgcccttcag ccccttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgcctga ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggcccttg ggcggggacc 1920
tgagctggct gtttctgct ttgctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgcctg gccagtggca gcaactagcag tggattagc ttatgcaaaa 2040
tacagctttg gaaggatctt ttttcttta actagatggt caccttcttc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtccccactg tctcaaccc 2220
tgtctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tctgttact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gagctcctag 2340
ctgggtgatac ggagagggtc ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcctaa 2400
gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgcacca 2460
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaataaaa 2520
ataaaaaaaaaa aa 2532

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggtct actgaaacct ctgccttcca ggttcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg ttctgccatg ttgacgagac tggctctgaa240
25 ctctctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360
tttggtcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agcccctgcc cctctgttgg420
aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgctactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
30 ctcaacaacc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggtgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaacaa atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(i) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggtc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtggggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tggctctgaa240
25 ctccctggcct caagtgatct gccgcctcag ctctctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc ctcagtgcag ataaattaga360
tttgcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttgg420
aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
30 ctcacaaccc ctgatgtttg aagagttcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggtctgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggctg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaacaaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagttaa ggcgtgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggcaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccgaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattatata aaaaaaaaaa
                                     629

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtg cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccacaaca gccttccctg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgagggtgt420
   ggctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccagggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgtcccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggcca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggtg gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggagggt aggggaaggagg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggctcgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggtcg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaacccaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccaggtt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagttaa gctgtgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgatg tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccacct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccaggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag ggcgtggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccttg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggctcctcagg ggccagggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggcca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcctc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggaggtg agggaagagg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgatcc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatataaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggtga 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaaagc caaaaaagcc aagattaaag tttaaagttg agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catctcttag agtctttgat1200
atacaaataa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgttc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggg gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
25 cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
30 ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatocgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagtctctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccaggttga 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
35 ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaagggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
40 ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat1200
atacaataaa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa
45
1262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctctggggc ccggcggtg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtc agagctgtgg 360
    gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcctcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact cccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaaagaaag actggctcct cttccggatg ttctccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagagggtc accaccccc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtgaagag accccagag aatgaggccc cccagtgcc ctctctgcat1080
    gccagcggg acgtgagtg ctatgggctg cagaagggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacaccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggatatctg1200
35  cggtgttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caaccaccac tctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a
                                     1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctctctggggc ccggcggtg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtg agagctgtgg 360
    tggaggaccc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agtaccact cccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaagaaaag actggtccct cttccggatg ttctcccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagaggtgc acccaccctt gaccactaca tatcaggacg tcctcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtggaagag acccccagag aatgaggccc ccccagtgcc cttcctgcat1080
    gccagcggg acgtgagtgg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacacccacc cataccgggc cttcccgggt ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgtttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caacccccacc tctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a
    
```

1281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccttc ggccaggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctctgg gctgttaecg aagttaatc ctgcacaaga ctcacaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac tttaacttgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acagggttg ccttcctcgg atctca 716

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 gagtcttgga gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcgaaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aaggggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600
atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
agggttggtc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcacaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctggcttgg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac ttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg cttcctcgg atctca 716

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttggtgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 gagtccctgga gctgtgagga gattcggggc gtcacccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcgaaaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atltgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aaggggtccc cgaggagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600
atttccgtct ttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```

5 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960
 ctcgctgctg agacacgcgc ctcaactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020
 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140
 attgattaga ccggattttt 1160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccggtg 120
 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gagggtacac 180
 caccgggact acaacaatga gttgaccagc tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240
 cctcctggag ctcaagtggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctcca gctaggcatc 300
 ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360
 caagtcttag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420
 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480
 cgccaaaaag agaggactgt gcaactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600
 atagttagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attaccocaa ccatattgca 660
 45 ctttttagtt cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720
 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840
 cttggggatt ttccatctga ctccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900
 attcatacac ttttgagact ccagtgaagc gctgttttca ccccttcctc ctctagcct 960
 50 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaggggg1020
 gggccggccg gtgggtgtc 1040

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

5 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaaagt 840
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgtc gaggagcgca tgcggagagg 900
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960
 ctgctgctg agacacgcgc ctactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc 1020
 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca 1080
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc 1140
 attgattaga ccgattttt 1160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1040 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60
 actgccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccgggtg 120
 gttttcttgc ctgccatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gagggtagac 180
 caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240
 cctcctggag ctgagtggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctcca gctaggcatc 300
 ttcattccca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360
 caagtcttag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctggtgag 420
 40 atctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480
 cgccaaaaag agaggactgt gactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600
 atagtgaagt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attacccaaa ccatattgca 660
 cttttagttc ctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900
 attcatcac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttctc ctccatgcct 960
 ctctccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg 1020
 50 gggccggccg gtgggtggtc 1040

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1336 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcgggccgc gggacccagc ccccgcccat 60
   ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
   cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccc agggcacggc agccgagggc 180
   gctcccaggc aggaaaactg tggtgcccag caggtccccc caggccgggc actagcacc 240
   ctcccagcag ccccgctgcgg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaact ttacctggcc cccctacca 360
   cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
   gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
   aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
   tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtgggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
   ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
   tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccagac 780
   tgccgggactg gggcgtggca ctcgtcacgg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
   caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgtaggc cctgtctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
   cctggacatc ctgcccggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
   gggcgtggag aagaccgggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
   tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcggccgc cctactacct1140
   gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcac1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc cactcgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
   aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
   aattttatcc ttttaa                                     1336
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggccgc gggaccagc ccccgccat 60
   ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
   cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
   gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag caggtccccg caggccgggc actagcacc 240
   ctcccagcag ccccgctgcg acctgcgggc cctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctacca 360
   cgtgtgggaa cctgccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggtat gtgacatgtg 420
   gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
   aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
   tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggtggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
   ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
   tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccgagc 780
   tgccgggactg gggcgtggca ctgcacagg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
   caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgaggcg ccctgctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
   cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca 1020
   gggcgtggag aagaccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga 1080
   tccggtggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct 1140
   gggccgcgac tacctggaga cgtgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat 1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc cactcgctt tcttgcgaa gcacaaggcc 1260
   aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata 1320
   aattttattc ttttaa
                                     1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggt ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcacc tgctgctga gccactacaa gctgtctgca cggctcttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgcctt gtcctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctcgccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgccca ggggagcgc ttccaccgct tccagccac660
ctatccgtac ctgcagcagc agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaaggtt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc
812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gatgcttggc atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcactgctaa gcacaggctc ctactcttc tccatcaggc attaaatgaa tgggtctcttg 300

```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggt ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcaagtga actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcagc tgcctgctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtccctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaaggc tacgccccgc ctcgccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgcccc gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720
ggagcccccā ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc
812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatatatt atgagtgcct 60
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
55 gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactcttc tccatcaggc attaaatgaa tggctctctt 300

```

```

gccacccag cctggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct cccgccttc caccttggtg gatgcaagg 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaaatttg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaa atacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagtgt ctcccagggt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaaggttctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagtgt ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcaactggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagcgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctccaccaca tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aataccccc aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgctttaa1440
20 aagcctcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaagggt ctctcagggt1500
gtagtgggtg ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccaggtgt gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgtga gtttgacagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctcctgat agggaaacct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgacccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
cctcagctt atgtagctag aaagggccct ggagtggaga agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgacctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtagggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcatgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt ggggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg aactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtg gccggccatg t
2681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtgggcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgcttc caccttggtg gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttggtt ttcccagcag aatgatgcc 600
ttctcacaata ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaattattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccaggt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagtgt ttacgggtca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgtcagtg gcactgggga ttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccaggga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagcgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac tttagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccga tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggtt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aatacccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcctctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgcgaagggt ctctcagggt1500
gtagtgggtg ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccagggtg gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtccc tctcctgat agggaaacct gctggaccag1740
25 cgagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgacccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggt1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaa1920
cctcagctt atgtagctag aaaggccct ggagtggaa agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtgggatg atgacatct ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgtc acacctcggc tgcattgacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt ggggaatggg ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg aactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtg gccggccatg t
2681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc cccagagtga ctcagccccc acgtccccc ccatccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccaccca 300
gaggctggtg caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaagggg cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggtcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgtg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgctg gctcgtccc 720
20 aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgccctgga agcaagatcc 780
cttcaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcgccc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagccctt cctgctgtc tcgggacctt gggacccctc ccgcaaggac 960
25 cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagt gactggaggg tggctcctgcc1020
attgcccaga aatcagcccc agccccgtg agcccccac ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggccc gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcgggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttgtgtt ttgtctttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac ccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc
1407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
 gctcagtcac caccctgcgc cccagagtga ctcagccccc acgtcccccac ccatccccgg 120
 10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
 ttcaggccac ccggcgcgga cgctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
 ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gccaccccca 300
 gaggctggta caggatgtca gtggggccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
 gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccgccca 420
 15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgcgcgccgc tctggcctcc gcgccaggga 480
 ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
 cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccctg agacagatga 600
 acacttcaag cggcttcggg tcacaccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
 acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgcgt gctcgtcccg 720
 20 aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780
 cttccaggag agcggcctcc acctgagccc caccggcgcc gaggccaagg agaaggctcg 840
 agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aadaggaagc gtgaaatctt 900
 cagcaacttc tgagccctt cctgcctgtc tcgggaccct gggaccctc ccgcacggac 960
 25 cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagt gactggaggg tggctcctgcc1020
 attgcccaga aatcagcccc agccccggtg agccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080
 ctgggggctt gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140
 agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
 cgcgcgccag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
 aatttgtgtt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
 30 taccagagac ccccccgctc aaagcccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
 attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5 cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
 cctgccccat cgtagtatat gagctcgccct acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
 cccagtcccc gaggtttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
 tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
 ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
 gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
 aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
 aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
 10 aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
 gagtccgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
 cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gttttctgta gccctctcca 720
 aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttccgctct 780
 ccactgtgcc agtctcgggt ccctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
 15 gcactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
 tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
 ttcttctgctc tgggttgccct ggtgtgcccc ctttccctct gcaccgtgga ggtggggatc1020
 tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
 gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttgggt ctcagcacac1140
 20 gccccacag ctgagggcct ggccttgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg1200
 aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
 cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
 tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 30 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

50 acgtatagtc gggctcggtg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa ttgatcacg120
 atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
 tgggtgtctg gacaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa240
 aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgtttg tgtgacaagg300
 55 catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtgggtggtaa ctatggttat360
 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag ttgtgaaaaa gaacaaaaca420
 accgagacaa acccttgatg ctccctgtct gccgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
 gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcccc gaggtcttga gagcgggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac gccctaatac acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggcctctcca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcgagacac gttccgggac ttccgcgtct 780
ccactgtgcc agtctcgggc ccctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 gcactgttgt gcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtcg 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgctt ggtgtgcccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggccgggggc tcagctccct ctgcttggtg ctcagcacac1140
20 gccccacacg ctgagggcct ggccctgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
tgggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttg tgtgacaagg300
catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctccctgtgc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

catccattta gcttcaggtt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat atttttttt ttaagtgcgg660
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720
 5 agagtcaactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780
 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840
 ttacattttt aaaa 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120
 35 aaccctaaca ggagagctgc atatgattga actggagaaa ggcatagtg gtttgggcct 180
 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcatca gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420
 40 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480
 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacgatgga 660
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcc tccagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840
 aagaacagct cccagtctct gatggctcca cagtctggct cccagaaacc ggagtccatc 900
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag gtttccaaaagg ggcgaacagg gctgggcctg1020
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080
 50 gaaggagcag catgtaaaga tgaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320
 55 ggtaaaagaa acgatactgg agtatttgtt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380
 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440
 aatgccaccc aagaagcggg tgcctgttgg ataaaagtgt tccctaggg cacagttaac1500
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

catccattta gcttcaggtt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600
 tcttagctgt ggacaaagg ggtcagctg gcatgagaat atttttttt ttaagtgcgg660
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840
 ttacattttt aaaa 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120
 35 aaccctaaca ggagagctgc atatgattga actggagaaa ggtcatagtg gtttgggcct 180
 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300
 tgggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420
 40 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccctc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480
 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcc tccagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840
 aagaacagct cccagtctct gatgggtccca cagtctggct cccagaacc ggagtccatc 900
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcaacagg gctgggcctg1020
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080
 50 gaaggagcag catgtaaaga tgaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal1200
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320
 55 ggtaaaagaa acgatactgg agtatttgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380
 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440
 aatgccaccc aagaagcggg tgcctgttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca ggggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620
 cgtttttccc acttttttgg ggatecccggt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 852 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 10 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgggct gtccccattc ccacgtgaag 60
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180
 gcgcctcggg gcacggtgac ggcgccatgt ccctaattctg ctccatctct aacgaagtgc240
 cggagcagccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgcaga300
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540
 cgcctgccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600
 ttgtgcaggg tttgtgaagc agtgatctag ttctattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660
 40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tccgtgctgt caatggacgt ggtggtggct720
 gttccacacc catTTTgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggTTTTgtaa gcagtgatct agtttcatta840
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

```
cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620
cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680
g 1681
```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```
30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg gcgcgcggct gtccccattc ccacgtgaag 60
cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct ccagctcgc cgcgagcag tcccggcagc120
agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180
gcgcctcgga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc240
cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgcaga300
agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360
35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggccaagcc tccctcagcc accagcatcc420
cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480
tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540
cgctgcctgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600
ttgtgcaggg ttttgtaagc agtgcctag tttcattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660
40 ccctgcacaa ggccacagc ccctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720
gttccacacc cttttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaaactg780
tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840
aaaaagaga ac 852
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15  gaagccccggg gcctggcgac ggcgacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
    ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
    agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgacgac 180
    tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
    ctgctggggg acgcgcgggt gagccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
    gacccggagg ccgcgatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20  gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
    gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
    catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
    gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
    aagatcattc gccagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25  ttcctaaaaa atagtgggta gctggaggct acttcgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
    gctgatggat atcccatttg gtcccgaaca gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
    gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
    tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcatggt aggtgagggt 900
    gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagtctt gcattggaac tggcacttat 960
30  tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
    tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
    aatgtgttta tgaaggaag atctaaatca gacaggagt ggtctacata gtagtaatcc 1140
    attgttggaa tggaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat 1200
    aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtccttgg cagaagctcc tttagattgg 1260
35  gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca 1320
    cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgagct ctgatttcta gactgctttg 1380
    aaaatgctgt attcatttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt 1440
    tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt 1500
    tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg 1560
40  ttattttattg agtattgtt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg 1620
    actccacttt gttgtgtgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaa 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccgagg gcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agtcccgta cccgtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgagcac 180
   tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgccggg gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
   gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaata 480
   catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgggta gctggaggct acttccgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccatctt gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcatggg aggtgagggtg 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttcct gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgtgctgtg tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
   aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
   attgttgga tggaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat1200
   aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgccttttg cagaagctcc tttagattgg1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaataa ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
   cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgaagt ctgatttcta gactgctttg1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg1560
40 ttattttatt agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

ataggcgcac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaa ggcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat ccagcgggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa                                     805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctggtgc cttttgcagc cagcgccac ccatccgtgc 60
ccggaccctt gggaatgcc gcggtccag aggaaaaagc ccaggacgg ggctccgtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaagcac tgaagcccc cgccgccaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccgc ctctacgtgt cccgggcact tccgcagcc ttcccgctcc 300
tttctcatcg gccttgtagt tgtacagtgc tggtggttg aaaagtgat gtgtggggag 360

```

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

10

ataggcgac cccaaggtca gggctcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
 accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
 ctgcgccctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
 gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
 15 gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
 taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
 ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
 aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
 tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
 20 gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
 aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
 ttaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc 720
 tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctgggtgc cttttgcagc cagcgccac ccatccgtgc 60
 ccggaccctt gggaaatgcc gcggtccag aggaaaaagc ccaggagcgg ggcctccgtt 120
 gcggggggtc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
 tgtaaagcac tgaagccccc cgccgccaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
 cacagcagcc ttaccaccg ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
 55 tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tggtggttg aaaagtgat gtgtggggag 360

```

5  tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
   accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
   ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
   tggcccggtc ggatgaagcg gcttccccgc agggccccca cttcccagtg gctgcttcct 600
   ggggacccag ggcaccccg gaccttcagg cacgtcctc agctggtcac ctcccggctt 660
   tgcggttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
   taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
   gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
   cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10  ctggagatga ccccagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
   agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctgggtgctc1020
   gtccacgcag gtgtgtgtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag1080
   agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt1140
   ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag1200
15  gaccctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat1260
   tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct1320
   gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga1380
   gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta1440
20  attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc
                                           1483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45  tgaggctctc catgactgca agtgttatat tggactggat ggcatgaag tccctttcat 60
   agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
   tgaccatcca gtccaatata acacttgcag acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180
   ctagtctccc agctagtgtt aggcaaaact ggattcccac tctggtattc tttcttccct 240
50  ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
   tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
   aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
   gcttccataa aatggcaaca gtccaggtct cttgcctaatt tttagagcat taactcccta 480
   attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
   tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcaggttt tgaagtgtca 600
55  gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
   atggaaacag gatataagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
   ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

tgcggctcat cactgagtag agaggttagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
5 tggcccggtt ggatgaagcg gcttccccgc agggccccc cttcccagtg gctgcttcct 600
ggggaccag ggcaccccg cacccttcagg cagctcctc agctggtcac ctcccggctt 660
tgcggttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10 ctggagatga ccccgagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctgggtgctc 1020
gtccacgcag gtgtgtgtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag 1080
agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt 1140
15 ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320
gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440
20 atttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc
1483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 tgaggctctt catgactgca agtgttatat tggactggat ggtcatgaag tccctttcat 60
agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctt catgacttgc 180
ctagtctccc agctagtgtt aggcaaaact ggattcccac tctgggtattc tttcttcctt 240
50 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata tttagagcat taactcccta 480
attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
55 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

5 tttcttgccct cctttgcttc atctttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
 gtgtcatgggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctcccttggt ccccgagg 900
 gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaag accttttga 960
 tgggactgca actcatgact atcctgatat tggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
 10 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt ccttttagtct1080
 tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
 acaatgagat gaagacaata tagaagtcgc catagtcac ataatcccg tccctggccg1200
 gttgaggcag ctccagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
 10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat 1347

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
 gcttctctct ccggttctgg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120
 acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
 40 gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
 cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
 atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
 cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
 agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtac agtgaggcct 540
 45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600
 acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
 gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacaggg cgcccccgcc ttgacccctg 720
 ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagctc tgggatggag gccagagagc 780
 50 tggtcaggct ccccatctg cccagcacgg cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840
 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggcgccaag cacaactgg 900
 gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
 tgcaggagc cctcctgaa ctgacctttg attggtttct gttcaacta ccaaatgtt1020
 atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
 55 gatttttgtt gcttgggagg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140
 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtg aggggagga tggggggcac aggagctggg1200
 agccccgtct ccaggaaaag gagagggtt aagatgcacc gaggtgtg ctgggctact1260
 tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

tttcttgcc tctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatggg gctcattcac tgcaaactcc cagttgcaag ctccctgggt ccccccggagg 900
gagcaagaat ctcatagtcc agagacacag agggcctttt agccctaag accttttggg 960
5 tgggactgca actcatgact atcctgatat tggagaaaag gactttgtta atcttctccc 1020
ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct 1080
tctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac 1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtcgg catagtcac ataatcccg tccttggccg 1200
gttgaggcag ctgagtggtc gagccagtc aagccaacc gcagcttcac tcacgacttc 1260
aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa 1320
10 aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaat
1347

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
gccttctctt ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgtc tttgacatcg 120
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagtc ctctacgcca 240
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgctc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataaccaga 360
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
cgagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccc gaggacacaa ctgcagcaca 480
agttagagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgccc ctgggcctca 600
acttgatctt ctaccccggt cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacaggg cgcccccgc ttgacccctg 720
ggcacctcca tcccccca cctgtcccca gatcagctc tgggatggag gccagagagc 780
tggtcaggct ccccatctg cccagcacgg cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcaccca ggcggccaag cacaactgg 900
gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaatggt 1020
atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca 1080
gatttttggt gcttgggcgg ctggtggtag agtgggcagt gccgcgcca tggggtgctc 1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggttg agggaggga tggggggcac aggagctggg 1200
agccccgtct ccaggaaaag gagagggtt aagatgcacc gaggctgtag ctgggctact 1260
tgatcttgct gaaagtgtt cttaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata 1320

```

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccc ttgcgagag gacccgggga1380
gggggtcccga gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440
ctggcagagc gcccttgccg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500
ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560
5   ctgagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620
aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680
ggg                                     1683

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60
atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120
35   tccaggcttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180
gactgggatac ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240
aggacagccg cggcgcgagg aggcatgtag gcgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300
ccagatgtcg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360
attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggagggcattg ttccgtggcc tcgccaggc 420
40   cgacggcacc ctcacacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480
caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540
gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600
gatatgggac ctgcagggct ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagacg tgcggaatga 660
ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720
45   gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catccccca 780
gcgcccggca gtccatagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgacctcac 840
tccgggagcc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900
tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960
gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020
50   caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080
cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccaal1140
caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaacttttg gcatccttgaggagctgc1200
caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260
gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320
55   gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg                                     1355

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380
 ggggtccccg gaggtcccc atgcaacact ggaatgact gttccagaga gcgggcagac1440
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccccccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500
 5 ctctgtggcc gatgggcat gcgggcccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560
 ctgagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680
 ggg 1683

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60
 35 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120
 tccaggcttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180
 gactgggatc ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaaact tcacggcccg 240
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagttag cgcctgtgtg tggggcaccg gcggcgagac 300
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360
 40 attccagggg cagagacact gcccgggcgg ggagggcattg ttccgtggcc tcgcccaggc 420
 cgacggcacc ctcattcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggg gggaaagaga atgctttgaa 600
 gatattggac ctgcagggct ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagacg tgcggaatga 660
 ctggctggac ttgcggttcc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720
 45 gaagcttgct acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780
 gcgcccggcca gtcctagaga ccacctatgg agagtaccga ctaacagcca tgaccctcac 840
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960
 50 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggatata 1020
 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg 1080
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccaca 1140
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagctgc 1200
 caagcggaag ctctcgggtt tgagcagacc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa 1260
 55 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact 1320
 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25  ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30  aaaatttaaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttctct cccatctgga attcacagct 600
    gttccctggc agcacacagg aggggtattaa ggacctttgt gaggctagggt aactgtcca 660
35  cactctcttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagttct ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgcgcctttt gataatagtt gttcagtgaa ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggg cggtctctct gctgacccta gcgctgctgc 960
40  ctaggtgcca tttcctttcc tctcagtc aatacagggt gcacattttg tcaactaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
    aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgcctct gtttccacat cacctctggg1140
    atatttcagc tgttggtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagt1200
    tgttctgcac tcccagcact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaccal260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtagc ctgagtgagg cccttctgggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctctt tgcttgctct1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccgggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcctc aacttgact1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc1740
    ataaaagtgt acattgtatt gtagggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1816 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25  ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtgcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtccctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcacccca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30  aaaatttaaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttctc cccatctgga attcacagct 600
    gttccctggc agcacacagg aggggtattaa ggacctttgt gaggctagggt aactgtcca 660
35  cacctctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgcgccttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctagcg cggtctcctt gctgacccta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgcc a tttcctttcc tcctcagtc aatacaggct gcacattttg tcaacttaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
    aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg1140
    atatttcagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
    tgttctgcac tcccacgact gaagtgtgag attgagctga ataaccatgg gaagtgaac1260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctcaagtggag cccttctggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctct agcaaatact tctttctcct tgcttgctc1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataaac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt ttttaggac1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcccc aactgtact1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aattttttc1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

25 tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgtctc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtggcgggg360
30 gagggggttc ttggtgctac agcctctccc ccaccctaa agggacgccg acgctgttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
35 agttaaggcg gccgaaagt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt
740

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60
cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
25 ctccctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacagt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatattta gtctcctttt cagggatgtc gtggcggggg360
gaggggggtt ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccc acgctgtttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcaggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcacccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
agttaaggcg gccgaaagt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
35 gccttcgttt ttaagaacgt                                     740
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggtca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccttgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgcaagcc cgcgcccgcc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccgacg tgttagagtt caccgaccat ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cgccctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tgcggcgca gctgggcagc cgtatatttg cgctgggtga 360
gcggcggtg gcgcaggagc aggtgtgtgg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
cgcttccac cggcgcttgc gggctcccg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctggggccacc acctgcaggg 540
tctccgggag gccttccctg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggaggggc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaagcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
20 cttctccaac aagccctact tccgggtgta gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggccct 780
catcgtgggc ttctgccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg 1020
25 gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgcaa 1080
gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aaggccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcggcag cagggcgct acgccccag ctataccccc agtgcccga tggacaccaa 1320
30 cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg 1440
gagtggtgtc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 250 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggetca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgctgtgag ctgctgtctg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgag aggagttcct 120
ggcgccagcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccagc tgttagagtt caccgacccat ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggctg gcgcaggagc aggggtggtg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttccac cggcgcttgc gggctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgca 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggcccacc acctgcaggg 540
tctccgggcg gccttccctg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggaggggc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaaggcct ctctggcagc agtgacacct ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggcct 780
20 catcgtgggc ttgctccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cactgtccct gctcctgctg ctctcccgc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg 1020
gcggctgctg acccactacg tgaagggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgca 1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgcat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcggcag cagggccgct acgccccag ctatacccc agtgcccga tggacacca 1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
30 gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg 1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120
 gaatcctcca gcatggaatc ctccatcatga gagggtacac agccggacta caacgatgag180
 5 ttgaccaggt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240
 agatcgaggg 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcggggggag cggcgcggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctg gacttctcac ctccggagggt 120
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttcctgg gagccatctt 180
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgt acccattccc aagtcaccag aggcggaggc 240
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300
 tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360
 gctgggcggg caggagagg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420
 cccgcattcc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggtcga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtattgt ctaatgctga 720
 caagcacacc ctctccatt atttgtgca tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctagtctgta cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgccgtct tctgtccat cagggtgcagg 960
 ggatttggtc gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgacc1080
 50 ttttacttct acctgtacat cccccatccc tccaattctt tcattccctg accagtgcag1140
 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200
 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt ggtttcttgc ctgcctatga120
 gaatcctcca gcatggaatc ctccatcatga gagggtagac agccggacta caacgatgag180
 5 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcttgagtc attgggatta240
 agatcgaggg 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcgggcg gcgcgggaggt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctg gacttctcac ctccggagggt 120
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttcctgg gagccatctt 180
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgtt accattcccc aagtcaccag aggcggaggc 240
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300
 tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggctgagga 360
 gctggggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420
 cccgcattcc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600
 ttgttcagaa gccgggtcag ctacacaggt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gactcattgt ctaatgctga 720
 caagcacacc ctctccatt atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcaccttg 780
 ttgtgtgctg ttagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840
 45 atgcagcgtt agtgatcca ctactgtgta cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgctt tctgtccat cagggtgcagg 960
 ggatttggtt gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtgcc1080
 ttttacttct acctgtacat cccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgaag1140
 50 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200
 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 ccctttttttt ttcttttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agttagcatt 60
 ttccctttaac aagacttttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120
 ttggttggtg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tgggttttaa gcaaaagaga 180
 tcctgacatg tgaaaccaat acaccaaata gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240
 25 ttaaaaaaaaa aattctttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300
 gatttcactt agaaatgggc actttctgag atgctttttc ctacacagaat ctgtagataa 360
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaaat caccoccaaag tctagcagca ctgttttttt 420
 ttttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtgt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540
 30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
 ctcttcgggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720
 tgatcttgag cagcatattc agaaagtcca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctgggtctgag ggtatacagg 840
 35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atgggtgttg ctgggcttct 900
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaagtgtc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
 ataagggcac cttaaagccc gggtgaagctg gtccatggga acctatcggt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20

```

cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60
ttcctttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120
ttggttggtg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180
tcctgacatg tgaaccaaat acacaaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtg 240
25 ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300
gatttcactt agaatgggtc actttctgag atgctttttc ctacagaaat ctgtagataa 360
actcattaaa agattgtccc atttcaaaa ccccccaag tctagcagca ctgttttttt 420
tttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480
gaacagcttt gtgacagagc tctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540
30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600
ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
ctcttcgggg actgggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagtctctt ttgaaatttc 720
tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggagggag aatgtttgga 780
ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctggtctgag ggtatacagg 840
35 cttttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900
aaaagtaaag gcattaggcc gtaaattgtc tttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
ataagggcac ctttaagccc gggttaagctg gtccatggga acctatcggt tttg 1014

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10  cacc aaatta atcagg tttta cagacagg gt cccacc ggta ttcacatt ct tgtagt gat 60
    cagatgggtt c agaattttt ca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttt gaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatgtt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggttttga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgcagacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgg 600
    ggccagcagt gaactgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttgggtgg 660
20  ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tggtagagg atcagtgtaa atcctaata gtaaaaagac ttttgtgttt 840
    tggcctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25  tttcttcctt ctctccctcc atctctgacc acccccacc taacccccca ccccaccat1020
    cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtga cccaagtagg1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttgata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct1140
    tggattatgg aacaagggtg aattttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55  ggccgggacg cagg gcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
    ggctgtgctg cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agagggtgat cgcattggtct180

```

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
10  caccaaatta atcaggttta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgttagtgat 60
    cagatggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagttagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacgggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggtttgga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgggg 600
    ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtggtca 660
20  ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tggtagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
    tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccctttta actcgtggtt tttctctcat 960
25  tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat1020
    cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aataggtgga cccaagtagg1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttggtga ttagggtgtt aagggttct1140
    tggattatgg aacaagggtg aatttttttt g
                                                    1171
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
55  ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
    ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcattggtct180
```

ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
 agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagaggtt cccagaacga gaggccttgg300
 tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcgcccg gctggcgctc cgctggcgcc 60
 caggagttgg ggatgtccta caaacccatg cggccctggc tgcccagcag cccccctgg120
 tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180
 tgcgcctgctc ggggctgcag tgtcc 205

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggg cccagaacga gaggccttgg300
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcgctgc cgctggcgcc 60
caggagtggg ggatgtccta caaacccatg cggccctggc tgcccagcag cacccttg120
tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180
tgcccgctgc ggggctgcag tgccc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 211 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaa cacagcagtt120
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 867 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggcc tttgcgatgg120
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtggtgag tggcgagct gggcgagctg240
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaaaca300
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaagtctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540
 ttttactcat tggaatgttt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660
 45 catcttcagg cctgaagctg cagcacctga agttcgctg catttatcag ccctctttgt720
 gctgtctcct gccaccttg ggttcctgct ggggacctg tgtggttg gcatgtgtga780
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaaccccg ttagtgacaa gtgttttttt840
 gagttgccag gttttgccat catataa 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 257 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60
 tttatattatg tgttttattt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 867 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgagggggc tttgcgatgg120
 gctgtgagga tgggggtggt ggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtggtgag tgggagagct gggcgagctg240
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaagtctg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtgactgt480
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540
 ttttactcat tggaatgttt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660
 45 catcttcagg cctgaagctg caccagctga agttcgctc catttatcag ccctctttgt720
 gctgctcctt gccaccttgg ggttctctgct ggggacctg tgtggttggt gcatgtgtga780
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840
 gagttgccag gttttgccat cattaata 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 257 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtga 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtggttt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaa180
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttgggtg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tgggtggcacg gcaccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gagtggtgtt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgacct ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt
257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcacccgcgt gagctacgag tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca
204
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
ccattttccc ttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180
ggctcttgat cagaatgaag ttaaattggc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240
tttca 245

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
 tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttecca acgttactgg120
 cccatttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180
 ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga gggtggcatt240
 tttca 245

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atcccctctg gagggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttagggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tggggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagtgg ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggctcg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcaccag gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctgt 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gttaggcctt ctagagggtc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaagggtgct ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgt 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
   actagcagga ggagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgcc tttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctct cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55  aaaagcatag ctcaactctg aataggctat ttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
   acagaaaagca gtgatgatgt tgaagtgctg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggaggggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctccagg ccagctcaag gtgtccact 180
   atcccctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggcccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccttc tggggccatt 360
   catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10  gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttggttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcaggt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccct 720
15  ggaaatgtcc ccttcttcag tgcagacct cagtcccagt gtccatctcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
   tgtgattcag gtcccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gaggttgctg gtagagcctt ctagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20  atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgtt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttggggc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaagggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatatct accaaagccc ctacctgct 1320
25  ctgggtccct tgtagcacag gagactggg ctaagggcc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgctt cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620
30  caaaaaaaaa aattttc

```

1637

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

55

```

aaaagcatag ctcactctgt aataggctat tttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtct actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tcttttgaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaattctagg 60
 aaacttaccc catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaatgctg gcttactgta120
 tgacttccag ctcatatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatcc180
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240
 tttacttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaa360
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540
 actgactcca gcttccagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600
 agaacccttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggttag aagaggggtga780
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840
 tgacatcata ccaggtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cttttgagcg900
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtggtgtgt ttatgaagat240
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttgaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaacttagg 60
 aaacttacc catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaatgctg gcttactgta120
 tgacttccag ctcatatg ttgaagatt tcaaggagt ggagaatctg aacctaattcc180
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240
 tttacttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagacccaaa360
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600
 agaacttttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaaccttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggtga780
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840
 tgacatcata ccagtcctaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900
 45 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15  gtggaataca atagatatta atttgtgggt ggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
    ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
    aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180
    tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
    cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20  ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa at tctttttaat360
    gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
    gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
    acaaagatga gaacaaatca tgggtgtagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
    aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25  ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaaat gaaaggctga aaatccaggc660
    tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720
    aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

    aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
    cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

15 gtggaataca atagatatta atttgtggtt gggttttctg cctgcttta atgaaatgta 60
ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaag tttctcatga cttgagtgggt180
tttttccttg ccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
cctacaaaaa ctgaaacccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20 ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaaat tctttttaat360
gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatcttc480
acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccacct720
aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
 ctccctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
 gtttttttat gtgctgtca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 461 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggggcccgtc gaggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
 cacaagaagc cttatcttac gtcccttctc ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180
 tctccagaga tgtagctatt atgcgcccgt ctacaggggg tgcccgacga tgacggtgcc240
 ttgcagtc aattactctt cgggtcccaa gggttggtt tcacgcgctc cattgccccg300
 gcgtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgtcggagga gcctcgggtg360
 35 tctcgtagc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
 ctccctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
 gtttttttat gtgctgtca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggcggccgctc gaggggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
 cacaagaagc cttatctctac gtcttctctc ccatctatcg gacccagtt tccatcacta180
 tctccagaga tgtagctatt atgcgcccggt ctacaggggg tgcccgacga tgacggtgcc240
 ttgcgagtc aattactctt cgggtcccaa gggttggtt tcacgcgctc cattgccccg300
 35 gcgtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgccggagga gcctcgggtg360
 tatcgtagc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
gtataaatgg tatacaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120
45 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
gtataaatgg tataccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120
45 gtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

20 ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180
cgcaccgact ccgcgagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300
tgacgtgggt gatccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttgat gggaggagga cgaggacttc taggcccggga420
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctgcggtg ctgtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
20 ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tctcatcac ccgcctcaca ggcccgccc300
tgacgtgggt gatcccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtcctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctcgcggtg ctggtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagtg ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatatgtc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttccagggcca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctctcctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggta gatgtacca cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttccagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt acactgccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgctctt caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
20 caagaccagg ttttacttca ctctctggaa gtaccatgac cctcctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaacctt cctccctttg gtcagggcta taccacacct ggacctggtt 1320
atcgataagg aggtcctctt acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
25 atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgtcc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

55 ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
agcttggtgc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccttttcccc acgcccacc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtctggaag ccatgggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaatt catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga gaaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcgtt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaaagtatt gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttcagggcca cccagtgtct 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggcca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggccgg ctatgggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgcctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt acactgcccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
20 caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtacctgac ccctctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggtta taccacacct ggacctggtt 1320
atcgataagg aggtcctctt acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gtttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
atgaaagtgt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
25 actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gtagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagtctt cttccgcagc ccctttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggttggaag ccatggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

tttgggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggcgcgt cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gacccctcca tgacctcccc tccccagccc aatgcccaagt 360
ggacttgagg ctgcacaaag tcagcagggg ccaactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtct gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttccctcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
ctcctggggc agagaagttc cttaggtttt ctttggaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgaggggtgg aaggtgaagag 720
gttggtgtgg agttggggct gccatagggg ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccactctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc ttccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtgcca gggctgcaaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggt gctatatcca gttcctgctc tctgctcatg1020
ggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg1080
15 gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctctgttccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaa1200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgccccg1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattggcg atttggggc1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagtct tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggtca gggacacatc ccctagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
25 tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag1680
gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggtgagcc1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca1920
30 gtggtgagga aagtgcggtc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
cagggaaaat gactttattg ctttaattct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggtttgtg tctcattttg2220
gtctgttttg gtccccctcc tcgtgggctt gtgctcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35 ggggcttcta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tggggggggta aaataaa

```

2357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

tttgggtcttc agcctccctc agccccaggg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaagt 360
ggacttggag ctgcacaaag tcagcagggg ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtct gttaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc cctgagagt ttcctcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
ctcctggggc agagaagttc cttaggtttt ctttggaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggtaaag 720
gttgggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctgggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtgccc gggctgcaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggg gctatatcca gttcctgtc tctgctcatg1020
gggtggtgtg acaaccctgg cctcacttga ttcactctctg gttttcttgc caccctctgg1080
15 gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaal200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgccccg1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgacca tcccttttcc1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattggcg atttgggggc1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagtc ttgggtggcg tgggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggtea gggacacatc cccttagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaa gggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg gccggtttc ttacacaccc ccagagagag1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc ggggctgct gggcgtctgt tctttaccaal1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggctctc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
30 cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctgga aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat taaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggttgttg tctcattttg2220
gtctgttttg gtcccctccc tcgtgggctt gtgctcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35 ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tgggggggta aaataaa 2357

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

5  gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
   ccaggtcctt ctctctggtt actcataacg cggccccatt tctcactccc attgggcgtc120
   gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180
   cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240
   ctctgtctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc300
10  cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccc cccggtgggg gcgcaggact360
   cagggagccg cggccggagg agggctctggc gggctctcagc ccctcctcgc cccagggctc420
   ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta480
   catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgccgcgat540
   tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt600
   gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660
15  ccgccgtac aaccagagcg aggctggtga gtgaaccccg ccggggggcg aggtcacgag720
   cccccccat ccggcacggg accgcccggt tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780
   ccgagggagg ggaggcgttg gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc840
   attttcagtt taggcaaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg900
   cgggggtt
20
907

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```

45  aggagggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
   gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccgg cagtaccggg cggttgtcta 120
   cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
   ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
   cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgctc atccggaggc tctgggctga 300
50  ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
   ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtgc tacatcccca cacagcaaga 420
   tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
   cctacacttc aagatgtttg atgtgggttg tcagcggctc gagcgggaaga agtggatcca 540
   ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgccta tgacttggtg 600
55  ctagctgagg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
   tgcaacaaca agtgggtcac agacacgtcc atcatcctct tcctcaacaa gaaggacctg 720
   tttgaggaga agatcacaca cagtccccctg accatctgct tccctgagta cacagggggc 780

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
 ccaggtcctt cttcctgtgt actcataacg cgccccatt tctcactccc attgggcgtc 120
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc 240
 ctctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc 300
 10 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact 360
 caggagccg cgcccggagg agggctctggc ggggtctcagc ccctcctcgc cccagggtc 420
 ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta 480
 catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgctg ttcgacagcg acgccgcgat 540
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct 660
 15 ccgccgtac aaccagagcg aggtggtga gtgaaccg cggggggcgc aggtcacgag 720
 cccccccat ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780
 ccgaggagg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc 840
 attttcagtt taggcaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg 900
 cggggtt 907

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc aggggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccgg cggttgtcta 120
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcatatcga 180
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgct atccggaggc tctgggctga 300
 50 ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtgc tacatcccca cacagcaaga 420
 tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcggaaga agtggatcca 540
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgccta tgacttggtg 600
 55 ctagctgagg acgaggagat gaaccgcagt catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctc tcctcaacaa gaaggacctg 720
 tttgaggaga agatcacaca cagtcacctg accatctgct tccctgagta cacagggggc 780

```

aacaaatattg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgaatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcccctc 960
5 tcttgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg ttcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agtccccct gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccctcttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggal1260
10 ggggggcaca ttctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcctc caaccccagc cgctcggagg ccccaaggga aaaagcacaal1440
gaagcgtgag acgccaccat tcctggaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
tataaaaaat gaaagtaaaag gaaaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaaac ttttagaga1560
aaaactatct aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaa1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccgt cctctctgtg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgcctccac agaattgggt tccaagggtg gttccagaca1740
actgccaaag tcaactgagg cctgccccg gcggccctgg ccccaaggctc tattaacctal1800
aaatgtagct ccctagcgtc aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc tttttcacal1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa

```

1987

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcgcc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
50 tgagaggacc agatgttaag ctgaagggc ccgatgttct tctaaagggg ccaggagtag 180
acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
55 ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctgggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cgggggtccga cttgcacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaaggccctc 660

```



```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca agggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgcccgtcac cgtatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcccgtc 960
5 ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac ccccaaccc1020
ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgctg tcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agctccccct gtcccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccctcttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagccc tgcccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcccc caaccccagc cgtcggagg ccccaaagga aaaagcaca1440
gaagcgtgag acgccaccat tcttgaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaaag gaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaaatattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc ccccagccc cccttccaag1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccctt ccctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggct gttccagaca1740
actgccaacg tcaactgaggg ccctgcccc gcggccctgg cccagggctc tattaacct1800
aatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcctgcctt gtcccagggc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc tttttcac1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2906 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttcccgaagt tttccatgcc caagatcggc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggga gccgagggtc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctgcaagggc cgtatgttct tctaaagggg ccaggagtag 180
acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctcttg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtgatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaagg 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc cagggtgtga tgtgaacctg aaaggccctc 660

```

```

5  ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaggagacc aaaagtgaaa gggagccttg 720
   gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
   aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
   tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
   gtctgaaagg ttcagaagta gggttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
   ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaal1020
   tcaaaggagg tgccgatgtt tcaggggggtg tcagtgcctc agacatcagc cttggtgaag1080
   ggcatttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtgaagggt accccaagtc tcctctgtccl140
   tcaacttggg cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctgaggacca aagggtggaag1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
   aaggtcactt ggaaagtggg tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccccatt1320
   ttaccttctc tggccgtgag ctggttggca gagaaatggg ggtggatgtt cacttccctal380
   aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtc1440
   aactgaaaaa aatcgaagtc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggctcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagtt1560
   caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
   gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cagggcaccg ctcaaattca ttcagtgtatg1680
   aaagagagtt ctctggacct tccacccccg cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
   tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
20 gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcatt atgagggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
   gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tcctcctctt1920
   ctgcaatga cagtgggaat aagggttggca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
   ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgttc2040
   ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgcc2100
25 tggccccgtg gcaagcgtg aaaaaccgac cgctgtagg ctccctggaac tatacagata2160
   ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
   ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
   ttgtgtttat tatcctcatt ttactgaac attgttagtt ttgggtaat ggaaaccac2340
   tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaaccgcc2460
   acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
   ttgtttcttt caccagggg tgggtggtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagagggaa2580
   ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgagggggt tccattttct2640
   gtgttttgta agggaactgt ttcttctatg ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaaaga aatttccagc actttaatgg ccaattaaact2760
   gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
   aaaaaaaaaa aaggaggagg gggggggggg gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
   agggaggagg aaggggggcg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tgggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
 gggccactgg tgagatcaaa ggcccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
 aaggcctaga aggaacacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
 tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
 5 gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
 ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaa1020
 tcaaaggagg tgcggatgtt tcaggggggtg tcagtgtccc agacatcagc ctgtgtgaag1080
 ggcatattgag tgttaaagggt tccgggggtg agtggaaggg accccaagtc tcctctgtct1140
 tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aagggtggaag1200
 10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggctcctgg gctgagtggt tctgggcctc1260
 aaggctcactt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
 ttaccttctc tggccgtgag ctggttgga gagaaatggg ggtggatgtt cacttcccta1380
 aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
 aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
 15 gtggtgtcac tggctacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
 caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
 gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtat1680
 aaagagagtt ctctggacct tccaccccg cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
 20 tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtaccttg1800
 gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
 gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tcctcctct1920
 ctagcaatga cagtgggaat aagggttgga tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
 ccacaaagaa agagttagcag gctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtc2040
 ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgc2100
 25 tggcccggtg gcaagcgtg aaaaaccgac cgctgtagg ctccctggaac tatacagata2160
 ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
 ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
 ttgtgtttat tatctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaag ggaacccac2340
 30 tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
 cagacggagg tcaggctctc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaaccgcc2460
 acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
 ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
 ttagaatctg tttgcaaat gtccaaccca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
 35 gtgttttgta agggaactgt ttccttcatt ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
 gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
 aaaaaaaaaa aagggaaggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
 agggagggaa agggggggcg gggagg 2906

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 45 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5      gctccccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
      ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
      gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
10     ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
      ttctgggact tcaccctgga cgtatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
      gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
      ctttcgggt gccactgcc cctgcgggtg gttcagtgct ccgacctggg tctgaagtct 420
      gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
      gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgccctcgt cctggtgaac 540
15     aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttacagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
      tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgccc aacc taccagctc cctggtggag 660
      ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aagg gactgttcag tgggctccgg 720
      aacatgaact gcatcgagat gggcggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
20     gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcactctag aggccaaagt gactggcatc 840
      cccaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
      atcgaactgg aggaacctgt tcgctactcc aagctgtaca ggctgggctt aggccacaac 960
      cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
      ttggacaaca acaagttggc caggggtccc tcagggtccc cagacctcaa gctcctccag1080
      gtgggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25     ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcacagcc tcttcaacaa cccggtgcc1200
      tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
      ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtg gggtctctgg1320
      ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
      tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcagtgcc ccataccgc1440
30     ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
      ttggcctcag agctgcccct gctctccac cacagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
      tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
      tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtctg1680
      cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctcctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35     cctccccgac tctgcggctc cctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
      acccctgtc cactggccct tcgaccagtc ctcccttctg ttctctctt ccccgctcct1860
      cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgt1920
      tccctcagacc tttctcgtt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
      gcttcgctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40     tctgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg ccacaaaac ccaggggaca gcggtctccc2100
      cagcctgccc tgcctaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
      tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
      ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actgggtggt aggtctcccc ttatccttct2280
      ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
45     ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa

```

2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5      g c c t c c c g c c   c g c c g c c t c t   g t c t c c c t c t   c t c c a c a a a c   t g c c c a g g a g   t g a g t a g c t g   60
      c t t t c g g t c c   g c c g g a c a c a   c c g g a c a g a t   a g a c g t g c g g   a c g g c c c a c c   a c c c c a g c c c   120
      g c c a a c t a g t   c a g c c t g c g c   c t g g c g c c t c   c c c t c t c c a g   g t c c a t c c g c   c a t g t g g c c c   180
      c t g t g g c g c c   t c g t g t c t c t   g c t g g c c c t g   a g c c a g g c c c   t g c c t t t g a   g c a g a g a g g c   240
10     t t c t g g g a c t   t c a c c c t g g a   c g a t g g g c c a   t t c a t g a t g a   a c g a t g a g g a   a g c t t c g g g c   300
      g e t g a c a c c t   c g g g c g t c c t   g g a c c c g g a c   t c t g t c a c a c   c c a c c t a c a g   c g c c a t g t g t   360
      c c t t t c g g c t   g c c a c t g c c a   c c t g c g g g t g   g t t c a g t g c t   c c g a c c t g g g   t c t g a a g t c t   420
      g t g c c c a a a g   a g a t c t c c c c   t g a c a c c a c g   c t g c t g g a c c   t g c a g a a c a a   c g a c a t c t c c   480
      g a g c t c c g c a   a g g a t g a c t t   c a a g g g t c t c   c a g c a c c t c t   a c g c c c t c g t   c c t g g t g a a c   540
15     a a c a a g a t c t   c c a a g a t c c a   t g a g a a g g c c   t t c a g c c c a c   t g c g g a a g c t   g c a g a a g c t c   600
      t a c a t c t c c a   a g a a c c a c c t   g g t g g a g a t c   c c g c c c a a c c   t a c c c a g c t c   c c t g g t g g a g   660
      c t c c g c a t c c   a c g a c a a c c g   c a t c c g c a a g   g t g c c c a a g g   g a g t g t t c a g   t g g g c t c c g g   720
      a a c a t g a a c t   g c a t c g a g a t   g g g c g g g a a c   c c a c t g g a g a   a c a g t g g c t t   t g a a c c t g g a   780
      g c c t t c g a t g   g c c t g a a g c t   c a a c t a c c t g   c g c a t c t c a g   a g g c c a a g c t   g a c t g g c a t c   840
20     c c c a a g a a c c   t c c c t g a g a c   c c t g a a t g a a   c t c c a c c t a g   a c c a c a a c a a   a a t c c a g g c c   900
      a t c g a a c t g g   a g g a c c t g c t   t c g t a c t c c   a a g c t g t a c a   g g c t g g g c c t   a g g c c a c a a c   960
      c a g a t c a g g a   t g a t c g a g a a   c g g g a g c c t g   a g c t t c c t g c   c c a c c c t c c g   g g a g c t c c a c   1020
      t t g g a c a a c a   a c a a g t t g g c   c a g g g t g c c c   t c a g g g c t c c   c a g a c c t c a a   g c t c c t c c a g   1080
      g t g g t c t a t c   t g c a c t c c a a   c a a c a t c a c c   a a a g t g g g t g   t c a a c g a c t t   c t g t c c c a t g   1140
25     g g c t t c g g g g   t g a a g c g g g c   c t a c t a c a a c   g g c a t c a g c c   t c t t c a a c a a   c c c c g t g c c c   1200
      t a c t g g g a g g   t g c a g c c g g c   c a c t t t c c g c   t g c g t c a c t g   a c c g c c t g g c   c a t c c a g t t t t   1260
      g g c a a c t a c a   a a a a g t a g a g   g c a g c t g c a g   c c a c c g c g g g   g c c t c a g t g g   g g g t c t c t g g   1320
      g g a a c a c a g c   c a g a c a t c c t   g a t g g g g a g g   c a g a g c c a g g   a a g c t a a g c c   a g g g c c c a g c   1380
      t g c g t c c a a c   c c a g c c c c c c   a c c t c g g g t c   c c t g a c c c c a   g c t c g a t g c c   c c a t c a c c g c   1440
30     c t c t c c c t g g   c t c c c a a g g g   t g c a g g t g g g   c g c a a g g c c c   g g c c c c c a t c   a c a t g t t c c c   1500
      t t g g c c t c a g   a g c t g c c c c t   g c t c t c c c a c   c a c a g c c a c c   c a g a g g c a c c   c c a t g a a g c t   1560
      t t t t t c t c g t   t c a c t c c c a a   a c c c a a g t g t   c c a a g g c t c c   a g t c c t a g g a   g a a c a g t c c c   1620
      t g g g t c a g c a   g c c a g g a g g c   g g t c c a t a a g   a a t g g g g a c a   g t g g g c t c t g   c c a g g g c t g c   1680
      c g c a c c t g t c   c a g a c a c a c a   t g t t c t g t t c   c t c c t c c t c a   t g c a t t t c c a   g c c t t t c a a c   1740
35     c c t c c c c g a c   t c t g c g g c t c   c c c t c a g c c c   c c t t g c a a g t   t c a t g g c c t g   t c c c t c c a a g   1800
      a c c c c t g c t c   c a c t g g c c c t   t c g a c c a g t c   c t c c c t t c t g   t t c t c t c t t t   c c c c g t c c t t   1860
      c c t c t c t c t c   t c t g t g t g t g   t g t c g t g t g t   g t g t g t g t g t   g t g t g t g t g t   g t c t t g t g c t   1920
      t c c t c a g a c c   t t t c t c g c t t   c t g a g c t t g g   t g g c c t g t t c   c c t c c a t c t c   t c c g a a c c t g   1980
      g c t t c g c c t g   t c c c t t t c a c   t c c a c a c c c t   c t g g c c t t c t   g c c t t g a g c t   g g g a c t g c t t   2040
40     t c t g t c t g t c   c g g c c t g c a c   c a g c c c c t g   c c c a c a a a a c   c c c a g g g a c a   g c g g t c t c c c   2100
      c a g c c t g c c c   t g c t c a g g c c   t t g c c c c c a a   a c c t g t a c t g   t c c c g g a g g a   g g t t g g g a g g   2160
      t g g a g g c c c a   g c a t c c c g c g   c a g a t g a c a c   c a t c a a c c g c   c a g a g t c c c a   g a c a c c g g t t   2220
      t t c c t a g a a g   c c c c t c a c c c   c c a c t g g c c c   a c t g g t g g c t   a g g t c t c c c c   t t a t c c t t c t   2280
      g g t c a g c g c   a a g g a g g g g c   t g c t t c t g a g   g t c g g t g g c t   g t c t t t c c a t   t a a g a a a c a   2340
45     c c g t g c a a c g   t g a a a a a a a a   a a a a a a a a

```

2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttgggcc cagggtccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtac ttctactccc gaaggattga catcacctg tcgtcagtc aagtcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catctctctc ccccaggacc cctcgttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgccctacg ttcttggcct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtccccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgttaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcga gacgggggcc ttggttcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctca ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
30 ctgctggaac tacggcttct cctgtcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcacca 1080
gtctggcgcc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttctgt gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc cttccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcactccca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttgga 120
cagttggggc cagggtccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtac ttctactccc gaaggattga catcacctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctcctc ccccaggacc cctcgttcca gatgcccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgcccctg tggagaagct ctgcctacag ttcctggcct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gacgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccgat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacggggggc ttgtgtcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actacccta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttcctcttc caggacaaga ggtgtcctg gtccctggtc tacctccca ccatccagag1020
ctgtggaac tacggcttct cctgtcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctaccaa1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgccct1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctcctc cttcccctgc cccggcagag cttttcaaac1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5  cctcccaaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
   taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
   catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
   gactcccatc gtcttgcatg cggctctcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
   tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
10  cgaatctcgg tccgtcaaaag tgaagatcaa gcttgccggg aaggagaagg cacaggaccg360
   cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtgccagg tcgtgagtga420
   agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
   cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
   aaagaatctt ccataatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15  cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
   cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgcgcc780
   gcagtttggg gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
   ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
20  tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
   cgaga
                                     965

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45  ctgcgcggcgg acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccgata ccatcggaca 60
   ggatttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
   agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
50  taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
   gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
   tgaggcaaaa attaaggcac tcttgaaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
   acagagggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
   tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aactgttcc 480
   attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55  tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
   taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactcagt 660
   tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```


(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca ataactagaac tcatcccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
  taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
  catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
  gactcccatc gtcttgagc cggctcttcac cagcgtgcgg cagaaaaatcg agaaggagga240
  tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
  cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttggccgg aaggagaagg cacaggaccg360
10 gctgaagggc ggcggcgccg ggcggagccg aggggtccga gccaaagccg tcgtgagtga420
  cgtgacagt gaggaggaac aaggaggaga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
  agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
  cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
  aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
  cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgcgcc780
  gcagtttggg gtccagttag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
  ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
  tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
20 cgaga 965

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctgcgcccgg acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
  ggatttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
  agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
  taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
  tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
  acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
  tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta ttgaggatg aacttgttcc 480
  attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
  taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt 660
  tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttgaggagg gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcggt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatacctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatgggt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagagggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgcg agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttgga ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgcga agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccttt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtgggtatt tgaaatatc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtagat atgaatgccg ctgatggtat ccttaaattt tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggt taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaataa2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagtgtgc tttagtttca2280
gaggtctgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttag ttggatgtat aatagttag2400
30 caagatgtta cttttgtgaa acatcagatg ttcaaaaaag tgcatccgaa cttgtactaa2460
atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgctga tcactgtaaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcacctgat gacagtgaat gtccagtgg2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaagaaa tcccctcccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttataca caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a
3101

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agatttttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttggaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcgct ggaggtagag gtggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggttagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgagggtgc agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcaggga aaggggtcga1500
ggcgggtcct aatgagctt aatgaagct gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccctt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtggatatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggatatg atgaatgcca ctgatggtat ccttaaattt tatttctgct1980
caccaggtt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctggttag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatatacca atgtaacatt cttagttgcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgtc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcattcgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag tttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttcctgctga tcaactgtaaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaa gcaccttgat gacagtgagt gtccagtggt2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaaagaa tccccctccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a
3101

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgaggag cgggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60
gagggcacta ggccctgcg agcggcgctct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120
10 cgggcggggc ggacggggcg caccaggacc cagggggaacc gcgacgggcg ggcgcgagc180
agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240
cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcggttc ccgcgggcgc ggatcaagaa300
gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggcg gcggtgcctg tcatcatctc360
ccgggcgctc gagctcttcc tagatcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420
15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480
gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540
caaccacatg gatggggaca agggcgcccg caggggccgga agccaggcag cggcgggccgg600
aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660
caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720
20 ccccaggcca gccaccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780
gcctctactc tgcctttgcc ccagcgccc ccggggccct cagcacctga tgaagaggac840
gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagcccct tttagtggg900
tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960
aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa
25 983

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLPEVMGS 60
45 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120
TRVQTCQNK QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSP CPQASPDIEL PSLPLMSALM180
TPKTPEEKAV AKVVKGOAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240
KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 cgggaggag cggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60
 gagggcacta gggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120
 cggcgggggc ggacgggscg caccaggacc cagggggaacc gcgacgggscg ggcggcgagc180
 agggccggga gccgggaggt gcgggscgscg gcgctggacc cgcgcsggscg agagaggccc240
 cgagatgscg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcsggttc ccgcggscgc ggatcaagaa300
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcggscg gcggtgcctg tcatcatctc360
 ccgggscgctc gagctcttcc tagatgcgt gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcctcgagc tggagcagca480
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcctc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg caggggccgga agccaggcag cggcgccgg600
 aagaacggtg ggtggggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcgag660
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720
 20 cccagggcca gccacccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780
 gcctctactc tgcctttgccc ccagcgcccc cggggccctc cagcacctga tgaagaggac840
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagccctt tttagtggg900
 tttagtgtct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960
 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

45 FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEPEVMGS 60
 DHCPVGAVALS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120
 TRVQTCQNK AQRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFTTLA60
TAFSSGVFGV MRALISGRIG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

15 ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120
PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFITLA60
TAFSSGVFGV MRALISGRLG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHLQAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIS STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYVY120
GWKAFGRKKG SSRKKG 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTAAV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GPTTV FVGNISEKAS120
DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGS LVGV LGFPWEGDSN EVEKTFL LQQ SAAEETVLPS 60
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIS STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYVY120
GWKAFGRKKG SSRKKG 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GP TTTV FVGNISEKAS120
DMLIRQLLAK CGLVL SWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRL LHD LQIGEKLLV180
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSLVGV LGFPWEGDSN EVEKTFL LQO SAAEETVLPS 60
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120
GCYMSIS 127

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDV HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180
GFSHAFFIFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFII LMVVTCLFLD300
IHKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15 NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYISHNKDGS 60
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVGIG IMGKEGRQAA 60
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDV HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180
GFSHAFFFF GSYLLIGKDT SILGNGQMFG NWTFTGLVET VMVITVTIKM ALETHFWTWI240
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFALL LMVVTCLFLD300
45 IIKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQRVSSAWT360
PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 50 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPPKL MVPRFSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AOVESQEVTI180
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TOARVYTTMT240
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEFFEMISS SVNVLGQQT LTFEVPSGHQL300
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV D360
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420
40 ELEEQKLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVG TGLD SRVMVTS AARTLILPEQDR480
KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPNP SIKQGYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPFRSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AQVESQEVTI180
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHQL300
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSVD360
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KOEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420
40 ELEEQKLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTLGLD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480
KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120
SDFPN 125

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

30

MGADLWTSFL ESTPVSSSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120
ACMGASSVPS 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120
SDFPN 125

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDELLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120
ACMGASSVPS 130

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHDPASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLEFCSE YRPKIKGEHP120
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

20 KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

40 LNMKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

45

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNKGKPDNL TTLPIRQTAS120
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
GVGPGSNDST LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLGK VGRKLPDHIL 60
RLHLHCPFFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120
IFKQPVTKVT NHPSNVKSD PQRMNEQPRQ LFWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
GVGPGSNDL LLSAVASALH TSSAPITGVV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
KQEERVQQR KKLEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLGK VGRKLPDHIL 60
RLHLHCPFFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSLEFLP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60
25 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

45 NALWGPAGPG SPATLSHLA G VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60
LTRTPSEPRA ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSFLFLP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60
25 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

45 NALWGPGAPG SPATLSHLA G VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60
LTRTPSEPRA ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTTL120
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPFPFTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPN CPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTFPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VOLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVNTSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60
QRLG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHGK LSTQTAPDPL60
 QRLG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
 KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHL D ECPHSQALKK120
 VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
 YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60
 RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120
 MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180
 ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLSR RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEQQ HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMILMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLR LGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60
VTGHIYSPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120
NPIKQYVKDG KLRVYANIFP YKGYIWN YGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMI LMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSKRLL60
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60
VTGHYISPFH DIPLKVSKE ENGIPMKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWN YGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKN GGAINCTNVQ300
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPQPQAR SGWGTRAQQP120
QQRAGGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60
TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120
25 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180
VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240
WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300
GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360
PCPQDGSFAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420
30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60
50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQAGS GHWPPGALCK120
VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120
 QQRAHGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180
 25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360
 PCPQDGSPAS HPLHPFLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420
 YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60
 50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120
 VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60
DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120
RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSEQRCP QAHAGGPSQR LPGAVDDAAV180
20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60
QKLLQRRRK G AAEQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120
KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180
HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240
GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLQLQED300
45 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRLMDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360
RMIDMGFEED IRTIFSFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420
VIQVEYVKE EAKMVYLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480
QEERTKAIEA FREGKDVLD ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEENYV HRIGRTGRSG540
NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600
50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60
DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120
RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSRQRCP QAHAHGPSQR LPGAVDDAAV180
20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60
QKLLQRRRKQ AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120
KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180
HILVEGDGIP PPIKSFKEK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240
45 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300
SSPLLRCALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRLMDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360
RMIDMGFEGD IRTIFSFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420
VIQVEYVKE EAKMVILLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480
QEERTKAIEA FREGKDVLLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIEINY HRIGRTGRSG540
50 NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGAFCGG600
LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15

KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFFFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- 45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120
PQLPSGLSMM RCLHNFLT DG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180
EGVLRDQLAL RALEEALQEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240
ALTMLSETQH KLLAEALSEQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120
LVERLWPVAG GWKVLCLFSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180
KHAVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFCVCST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120
PQLPSGLSMM RCLHNFLT DG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180
EGVLRDQLAL RALEEAL EQG QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240
ALTMLSETQH KLLAEAL ESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120
LVERLWPVAG GWKVL CFLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMTVFF WLRWPWPSPC180
KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFCVCST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180
KALALLQRLR QGSQGQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

30

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60
RGGVSSPSLN SEQTLCCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

50

AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQAQDST CWTVQGLHRP180
10 KALALLQRL L QGSQQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

30

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

50

AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGGRG ERVKD 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45 RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAPPEG MYLVGSSSGT LGGCRAITQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGEI20
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45 RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TTPPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TTPPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQAQ60
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQ60
QNKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

25

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

50

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60
SCPGVTPRVA GG 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHCWSWRVL60
SCPGVTPRVA GG 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLLP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWNLAFC AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSLGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLLP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLO LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRS LGFG AHL LSGSISI LLATSGQRP PQPHIARCWQ180
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60
RPDLPSGRQE GPDPARRSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120
RERPGSRPQL 130

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAWA ATPPFCNHMP 60
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDF120
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLFPDN PQSDKEALQE180
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WWILSEIFLK240
KAD 243

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60
RPDLPSGRQE GPDPARSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120
RERPGSRPQL 130

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAWA ATPPFCNHPM 60
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDF120
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLFPDN PQSDKEALQE180
GRATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240
KAD 243

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60
NIKALFPTEI HSGLLLEVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120
SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180
FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240
20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLQSGSG RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180
45 GLPCVGDSE DLPEKGRLLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60
 NIKALFPTEI HSGLLLEVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRTKQNL DYCFLMYAQ120
 SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180
 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240
 20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60
 ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120
 ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180
 45 GLPCVGDSEK DLPEKGRLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60
CWWHPPEWHGE QLWPFVLLPRP VLGLKSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120
QRP GAPLS

15

128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60
35 EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120
KKKK

124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120
KKKK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60
SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKQGLSL QDTPQSCGRL120
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQP120
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFFAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240
TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGSPKLALW LPSPAPTAP TALGEAGLAE300
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360
EPMPPRGLT GVQTCRTSV 379

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSFCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60
SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKGQLSL QDTPQSCGRL120
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

(A) LÄNGE: 379 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLP SAYQP120
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPA HQISV PAATQPAALP240
TLLPSQSPTN QTSPISP THP HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSPAPTAA P TALGEAGLAE300
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVL LALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360
EPMPPRGLT GVQTCRTSV 379

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180
WPLGHQGPMP AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60
LWREWGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKCVCMRQ AVSGGLSSP LPPSFPK 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

5 VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- 10 (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPSPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

- 30 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

50 LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGRL WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60
LWREWGGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVGSGLSSP LPPSFPK 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180
20 - PEPSPMPMPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60
WKTQRRKRPW GGVPSCQLQA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQERVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYLVGTGP RRILIDTGEP 60
AIPEYISCLK QALTEFNDAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120
EEIIGNGEQQ YVYLKDGSDVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSDW FGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYLVGTGP RRILIDTGEP 60
AIPEYISCLK QALTEFNIAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120
EEIIGNGEQQ YVYLKDGDI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPHARL DWTAARRAAV QQPFPQPAPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60
SHYNFLDCCV KFS 73

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60
25 PAVGRLASLY CCCMVFASPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180
50 YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDL240
QGLQ 244

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLIS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60
SHYNFLDCCV KFS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDL240
QGLQ 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120
LPVPEKAFPL LKFKH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120
LPVPEKAFPL LKFKH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60
AQAHLLVLRP QIKPSPHHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQSRSG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAQQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGGLTSPV VRLGQVVPGL60
MPGVVSAAGT QVRRLEVFPA SLRLQHHLQL REGL 94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSPPRGGGLA60
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRS CC QAEPR 95

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAQQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGLGLTSPP VRLGQVVPGL60
MPGVVSAAGT QVRRLEVPFA SLRLQHHLQL REGL 94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPFRLDQTO VIGRLQERRP120
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120
EGYEENEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

45 (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60
LSSMLGIPRL MGNI RPD SGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180
PHKLSPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180
PHKLSPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120
HTLTAEFALG RVKK 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
DFGRSAAATA SGLLIFIFAL RWLKAFI 147

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60
LRQHQPGRGC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

50

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60
 KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120
 HTLTAEFALG RVKK 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

25 PARTDRPPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
 CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
 DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- 30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

45 PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60
 LRQHQPGRGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- 50 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMIFVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHPGQ GQPPAAGGLV GDADRAGDLE 60
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGP AE DSASAGSFLH120
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120
AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180
NSACRISSSS DWNTPAPTQS PEEVRRHLHC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHPGQ GQPPAAGGLV GDADRAGDLE 60
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCLHLRE TGWYILGP AE DSASAGSFLH120
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120
30 AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180
NSACRISSSS DWNTPTPTQS PEEVRRHLHC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

50

DCTQDPQHDL HHPRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60
 GHLITVGC SH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS QSPPGQEGS60
 FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60
 SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120
 NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

DCTQDPQHDL HHPRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60
GHLITVGCSH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPQEGS60
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVGD L PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNV S QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120
TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180
40 LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPH HAREGVVGD PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNVs QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120
TPRLGAPGPW TPLPTLPShI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180
40 LWEEEPcvck LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWREPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120
VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPILLIF PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKARI80
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120
VSPWAPPSCP QGHPVLPTRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVG ARSWDGVVRN180
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60
PLPVGGTTRS CLRPVASRP . 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGRKQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60
PPAESPRSNR SRASPAAlA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRRA RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLEGR TARARSPLTL60
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60
PPAESPRSNR SRASPAIA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFVGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

5 AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

- 10 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

25 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

- 30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

45 QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

- 50 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15 DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTD EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35 VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15 DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLEFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35 VMSDPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60
CSYAVMVIPIR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQTV60
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60
RNC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLTRNVDK PLKANKQQT60
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60
RNC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSQASPGP 60
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIKDVV LQWGEMPTSV180
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNKVFV ASVRSKGSSQ240
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

20 GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYDEGEVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNOKVFF ASVRS GGSSQ240
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

25

(A) LÄNGE: 231 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60
QHHLNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRVAVGE VGKGLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180
45 GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVFSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

50 (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
 RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
 15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
 AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
 INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300
 AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
 QQEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
 20 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
 40 GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120
 MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
 RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
 15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
 AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
 INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300
 AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
 QQEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
 20 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
 GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120
 MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60
LLRQRYGFHS SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEAG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120
25 HSSQHGGPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60
45 VPSAWHIVGL H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVCQG LWCFLVIGTL 60
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120
25 HSSQHQGPGV LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

45 QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60
VPSAWHIVGL H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVirFIFKQ PNPGRCGPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60
PFFPV 65

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60
QTNIIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSPFGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFVNI ATIAVFYALP120
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSEFM240
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300
ATLLSTQLY YMGRWKLDG IFERRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVWVGFA420
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSL S NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60
QTNIIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSPFGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLS D GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFWNI ATIAVFYALP120
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTFSFM240
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300
ATLLSTQLY YMGRWKLD SG IFRRLHVLV TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRS GER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDF DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAL LCRGAGLLPW 60
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120
RPLFFPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180
WC 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWAAVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60
VIQCQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAEE SLEEEEREAA120
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGAHGV EEPVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360
DEQEKQPQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRVLG DHQLHHRKGI420
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480
35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

- 40 (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120
RPLFPPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180
WC 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60
VIQCQQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEEEREA120
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360
DEQEKQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480
35 HSGPSTYRFK GAALVTREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENYKT IMEQFNPSLR 60
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120
LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180
GSKNPQKYSD KELQYIDAIK NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240
AYHSGKCELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300
PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAQ QPKSLSPQS360
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420
10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSDG SDRLHMSLQQ480
GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540
MSSADVEVAR F 551

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120
PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGILTIVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180
35 CRASA 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120
LEEMLKS FHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180
GSKNPQKYSD KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240
AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300
PIPGA KPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADR KAA QPKSLSP PQS360
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420
10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDS DG SDR LHMSLQQ480
GKSSSTGNLL DKDDLAI PPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540
MSSADVEVAR F 551

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120
PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180
35 CRASA 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPILLEA AGRLGEGGPG GGAVIGGWDG 60
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAIVQ DPGVGEKPA PHLGLTSLV VPAIAGLRHQ120
 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360
 10 VLQLLVRVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420
 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

- 15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP ORTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEVEAV120
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- 40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLEA AGRLGEGPG GGAVIGWDG 60
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTAIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLV VPAIAGLRHQ120
 5 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360
 VLQLLVVRVLL RILAAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLILD L PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60
 SSPQPGKLR S PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEAAV120
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGLSGQG LCAALYDYQ AADDTEISFD180
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFFA NYVELIE 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60
 AGNLSWWSLL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSSTR LTRCLQAPVC120
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120
 25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGE TDFSDFTKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
 EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
 SMKGWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60
 AGNLSWCSLL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120
 25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 ECKGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLMWV300
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVVI WNTKDVLIDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHITIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
 SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLETS 60
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

- 25 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

45 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFERLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRIITS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWDLR120
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60
RRVRSLETPG LSSHRRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSEGR LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLG PRWLGWDLR120
QSWALSISEE VVKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEEEW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60
LSEPPQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVS A180
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNP AEINVER DEKLIKVL DK LLLYLRI VHS LDYYNTCEYP240
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFE EKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGP RPPILGYGAG420
15 AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480
DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRR KDTSSGDHLT 60
CRLDPQAKDL KDG TQEEATK RQEAPVDPRP EGDPORTVIS WRGAVIEPEQ GTELP SRRAE120
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHF EKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
LSRLTGDKKF QEAVEKVTH IHGLSGKKDG LVP MFINTHS GVSPTWGVF HGGAPGADSL360
LLSYL FER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60
LSEPOQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCPGSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
15 NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGP RPPILGYGAG420
AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDLAPD480
DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRR KDTSSGDHLT 60
CRLDPQAKDL KDGTQEEATK RQEAPVDPRP EGDQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
LSRLTGDKKF QEAVEKVTH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360
LLSYLFE 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60
LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTST PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60
LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120
 LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLNLE LRTQVFHAPV 60
 WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVIY120
 VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLEFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFAE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60
 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120
 KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMVVS LGSQFEIGHG CSQLKPQFWG WM 172

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120
 LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60
 WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVIY120
 VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

30

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLEFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFPPE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60
 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120
 KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGCLKPQFWG WM 172

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

50

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15 WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLIQ 60
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

35 CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60
40 ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGSSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

10 GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPGLHLEQTA60
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

15 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

30 TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

35 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

10 GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPGLHLEQTA60
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

15 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

30 TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRVFEF PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

35 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FK GKTCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQH HHHQH120
WQQLLP 126

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGKTCESMS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAERPGSS 60
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQHIIHQH120
WQQLLP 126

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60
LGKLQTMLSR KGKKQKQDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVPGALGAAL WEAGSPVAFY120
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYPFEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQGT WHRPCDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

15 NVGRCCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60
LGKLQTMLSR KGKKQQKDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVP GALGAAL WEAGSPVAFY120
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PPGTGQLVF180
GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQGT WHRPCDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRK RKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

96

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRKRKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLNF QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

15 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

40 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLNQ QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFSD IKFYFCPVLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60
 HWMMEFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
 VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

LHLGAQRALA PGLFRLQGM L RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HVWPPCDRPL 60
 RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLRRRPRP120
 PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180
 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSESEARPG RPCSLHPCPS VHFFYLHKHT HSTSK 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

FMKNKSLPL PISTFIWFSK IKFYFCPLI LNSLPLIQSH LFWTLLEYLF NFILLIFSVC60
HWMMEFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

LHLGAQRALA PGLFRLQGM L RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HWPPCDRPL 60
RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLRRRPRP120
PGKAGSSRP GLALRAGGPT HWRAPPLRY ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180
AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSESEARPG RPCSLHPCSH VHHFYLLHKT HSTSK 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

15 GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
20 PRCQGCQGPI LDNYISALSA LWHPDCEVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

40 EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEAC 60
EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120
TVRVPERAER RDVVIQDGLA AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAAASQG GGTASANEVL240
GVPGAAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGGN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

45

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

15 GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
20 PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHFDCFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

40 EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60
EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CEEVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120
TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEAAAASQG GGTASANEVL240
GVPGAAQSRH HLPNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

45

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKR 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120
DTRDQADGSR ASVDGSGSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDGSGR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPWCPW 60
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120
PSEEEKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180
15 RLLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNC SYW240
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35 AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYLNLV 60
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120
PSEEEKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSD IKAWPNC SYW240
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
20 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35 AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYNLV 60
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPPSV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60
SPSSKTQGGP PRGAHVPR GWLPGCYLFY PTSAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQA ELGSKVPFCP 60
MVGSEVYSTE IKKTEVLMEV FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240
RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFDVEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60
SPSSKTQGGP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60
MVGSEVYSTE IKKTEVLNEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120
HVIIGLKTAH GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMQQLMK PKKTEITDKL240
RGEINKVVNK YIDQGIKELV PGVLFVDEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300
CVIRGTEDIT SPHGIPDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120
LTRS 124

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60
PLHGPTVGFN VNHISSFYSL FLQTFKNAGV QFQLEGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120
LTRS 124

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKP TENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDKCT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60
ESGDESDEF L QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASF K IKTVAQKKAE KKERERKKRD120
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKEK KKQDFDEDDI 60
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKP TENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASF KKTVAQKKA EKKERERKKRD120
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLSFSPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60
WILQFLQIS FEIPFVYSDP FYLFTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHLVCRSPLH180
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGIIR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVVF LARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60
FVSLALRRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAA YVCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSRLT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQ300
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLD TDG360

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQSSL 60
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPLH180
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60
FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLROVD180
50 VTSFAGHPCT RASGHPCNLG ASCVPREAA YVCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGLH300
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLD TDG360

ALWLGGLPPEL PVGPALPKAY GTGFVGCLRD VVVGHRPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNKTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60
IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPENTQE GAAQIGAWKG120
PVGSPGGRAP SDLSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240
K 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGE MPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60
45 AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

ALWLGGLPEL PVGPALPKAY GTGFGCLRD VVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRWGV A EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60
IGPGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240
K 241

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGE MPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVLSQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180
 5 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
 EGLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
 TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGS LER120
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

5 KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEG180
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
 ELLQGEDGE DQAYPREPG EDAPDQCKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

50 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60
FEKAYFILDE FLGGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLEK ARMFPLGYLL KLNLFCEFPPL60
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHSGHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQH DAAGDSHHDD120
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180
30 AAAQGEVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRMTMT120
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180
50 QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHSGHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180
30 AAAQGEVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

35 (A) LÄNGE: 361 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50 SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60
MFHAFLSNNR KLYKKVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILOKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEYSYLLTT300
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60
 VVVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGPK PEPKVFNGGL GREAASSVSA QPLLSPQAGL180
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEGSYLT300
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLGVLQGG VHQGLELQAL QQVALELGHG GANLLQHLRA 60
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGVV VGGHHRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENG 60
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120
 VASSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP KPEKVFNGGL GREAAASSVSA QPLLSPQAGL180
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLP SH 60
 YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120
 RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180
 KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240
 PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDHRHRRRP RWAAAAGSRT 60
 RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVNPVPG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180
SPEGSQASPA HCH 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180
SPEGSQASPA HCH 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180
 GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFQVTS240
 TSACMILTSS C 251

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

GSSDDVLGVP REGAAPHFAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180
 GLRDQLLVVV CFQVPDSDSP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240
 TSACMILTSS C 251

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60
GFTNKQLSEN TAQGEKRVN CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKs HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20 PYVHSPAWSP WGLVGRLVSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQPPW FQLLSFQYIL 60
 ETTPLGLIFLR TQHSLCHFSV RPKKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40 NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20

PYVHSPAWSP WGLVGRILSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQPPW FQLLSFQYIL 60
 ETTPLGLIFLR TQHSLCHFSV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40

NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
50 TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAAGDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE

147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTK120
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180
QGRQETLERC IRSMPSHPDR AYNCSYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARAKL NLSPHGTFLG240
FVKL 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60
CSGRLCQGYF SPFWEGPPVP CSRLTSLLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180
LRKEK 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTSLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180
QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNCSYAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240
FVKL 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60
CSGRLCQGY SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRV RV RAVVQKGRRL180
LRKEK 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLVHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLVHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120
IIVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60
GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60
GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60
QEACCDPLCS MPFAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFVGRQHM120
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVCQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKCICSSTL KRRKRNNLSL60
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFVGRQHM120
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVCQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSTL KRRKRNNLSL60
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60
DIHDNVV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECCLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPEMKTQON R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60
DIHDNVV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLEHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPEMKTQON R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNL DQLN60
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120
STG 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYR60
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCROYL SIRLSSFMSL SLERNTRYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNK120
STG 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYR60
GICNMEKIIF HFCFSNSINS LYK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60
VEQMCKKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDPPTSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSLFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60
VLTLLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120
LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNLEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60
VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEEPE RRSPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60
VLTLKKFKGD LAYRRQEQYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEQQARC LAHLGRHMEA120
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQNEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240
30 RNRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60
VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQOSPAPPYA YPGEPTDTPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60
SPRSPRREER DV 72

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLOPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNNHTHK60
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60
SPRSPRREER DV 72

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLQPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60
 LTVSTSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120
 LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLI KKS180
 20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSGL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240
 TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQM QNPYSR300
 HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQFTTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60
 LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60
LTVSTSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180
20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEFK NNVLQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

35 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50 LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKXXXXXXXX SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60
TVYTAHL SYS HVLSSLVRLF

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

GTRCTHHHA

69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDLQ MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300
EGLLNALRYT TKHLNDETTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVIIILYDH VHPVGAFAKT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300
EGLLNALRYT TKHLNDETTTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60
ARASRRSQSR SCALLDRRG SSALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60
ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEE LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40 WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEE LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40 WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TSGRRPND SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120
LSTLGELKQN LSRSHWDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180
ALSTVGSAIS RKLGDMRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPLELSTV PLLGCQDLAQ 60
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTFFR RIQVDILAGG120
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEEEEELRAE LTKVEEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGEWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180
ALSTVGSAIS RKLGDNRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTFR RIQVDILAGG120
VHVRAASGPC RGRYGRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRPP DPVAGAMGAE120
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60
LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120
ASLLLLATST SGSECRFP RS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180
50 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240
AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300
LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIMEFENK360
EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120
 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120
 ASLLLLLATST SGSECRFPFRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180
 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEVVD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360
 EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60
EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRREFADPLP120
GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180
AA 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120
IMKGTEMC PK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180
45 VLRKALEHVP NSVRLWKA AV ELEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420
50 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60
EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120
GSDCCRGNCQ NTQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180
AA 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120
IMKGTEMCCK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180
VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420
ALAFQANPNS EEIWLA AVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

- (A) LÄNGE: 352 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPR LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQGDAP CCRHIPCQPL 60
 GLGAHEPQHL CFGAVGHSPL QECFQGLPSA MVLLVVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
 LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
 VGPQRGDGSV DLLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
 PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
 DVNPDRLEWM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

- (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
 DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
 LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
 VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
 EQKPQCGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLLLL LDLPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
 VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
 LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLG420
 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- (A) LÄNGE: 352 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPRL LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60
 GLGAHEPQHL CFGAVGHSP L QECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
 LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
 VGPQRGDGVS DDLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
 PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
 DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

- (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
 DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
 LHSVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
 VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
 EQKPQCGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLLL LDLPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
 VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSOSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
 LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420
 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSVPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60
FSPWAVSLSC FTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSVPSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGE GH QEHRGPGTM CLQHW SWGHL LNGKILLSWV 60
FIILGSSAQG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

PFCS SLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

EDKMRPGLSF LLALLEFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGEQH QEHRGPGTM CLQHSWGHL LNGKILLSWV 60
FIILGGSAGG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNETGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60
ELELKLELES TPGKELKPGI GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK QENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHFGQPAAVP RHRIPEHAAA180
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60
RCPASPRPSR RLPAPRGPEP HPAKRAGPGQ ARTPAASPPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARRLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDDDNDIME300
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360
EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60
 LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120
 CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180
 15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQQRLLLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60
 RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120
 AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180
 TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240
 VMSAFGFPPW DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300
 40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNQV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360
 EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120
ARVVAVSRTQ ADLDSLVREC PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHSVYCS240
TKGALDMLTK VMAELGPHK IRVNAVNPVT VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGG 60
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQGRGA180
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKIGR GTVQALHATG120
ARVVAVSRTQ ADLDSLVREC PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60
QVHAHGfYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGS LQVWPMDEVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120
LVSMRPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHF APRCGNESSR SGAAALADVQ60
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHA E PYLV 94

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAHH SHHPRARRVQ180
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30 FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120
LVMSMRAPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIEWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAE PYLV 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60
SYTTPSPISC 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60
SYTTPSPISC 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ SAQVSTDS 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLKLM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
15 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTWVPMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPGTLA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRLCLP120
RARKTWCPRALNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
15 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRNLSR SRSRWAATPK VLTWVPMMP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRCLCLP120
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120
LNQVHERVVE ILNCFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180
10 RPLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60
30 PVTQGSPVIT TTSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNPTL240
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPPEA EGPLSLVTTA300
35 NHSPDFDHDR DYEDEPVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120
LNQVHERVVE ILNCFE SEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180
10 RPGLADVRVL FVEVLDLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGR LQAM MTHLHV KSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60
30 PVTQGPSVIT TTSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNAVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNPTL240
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300
35 NHSPDFDHDR DYEDEPVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60
RHRPRLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRICAEP RIL 103

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60
SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60
SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQELEVEV180
FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEE240
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360
50 QGQVLLRAQL GILVSQHSV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420
VDSPLEAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480
GTRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRC SWT 539

45

50

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDENRPPDS 60
 RHRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFEEIVTS VPGQELEVVEV180
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLEDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAEELEV240
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360
 50 QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420
 VDSPLEAPAG PLGQVKLTW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCST 539

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60
SGPLGRGPFL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCR R PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRTLHLPRK 60
SSLKSLSKT STSSWPGETD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKL RPANFS LT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIIR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGSGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

40 ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMPNL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20

ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

25

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

40

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180
LAQLSLSRLS PEHRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

15 VIRVVSSQPR SESQGDCPAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCMSMSG120
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCF SSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQ LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPGRGFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60
IGIGTSVVTC PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120
DMLQLAEEPV PQAQEELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180
LAQLSLSRLS PEHRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

30 VIRVVSSQPR SESQGDPAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCMSMSG120
DPSEPRSRKA ALLPGNVCFD GSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

35 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
5 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60
IEISEYRTQL YEYLQNRMA IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLNLAKH AASTVQILGA120
EKALFRALKS RRDPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300
25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLELL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTTRIV SLHFTFVFIF120
FCFC 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60
IEISEYRTQL YEYLQNRMA IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120
EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEY KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300
25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWEF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60
CHFFFLLFFN FNFNLGFFGF LFSNFIIFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120
FCFC 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFFFFDVSS SSATFSSSSS 60
STLTLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GOLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180
40 AVLPREVCT ENLTPWKKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCT240
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKDWLSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPE NEAPPVPFLH360
AQRVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420
45 ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFFFFDVSS SSATFSSSSS 60
STLTLILAFL AFFSVISSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCTS240
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKWDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360
AQRVYSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420
45 ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
35 ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQFAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLK KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60
PYPASRPQTV REEPAGSRWP EGLSQSYIRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120
LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHTDCPS VKLSPTTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60
 EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTL KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60
 PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYIRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120
 LMPWERSECE PMASSLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

50 EIRGRPPLEF PPLSCVDEFL QNRPHDCPS VKLSPPTCRT TAYKWITHVPQ RAQIIPSRSP 60
 KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQORA SLSPTTEA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

(A) LÄNGE: 317 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

20 NMVDYIEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEF GTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD TGTSTFGSLGH GGLTSFSSSTS180
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVR300
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

45 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTGHLLQ LLLFLDRSRQ120
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

20 NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GTSFSGSLGH GGLTSFSSTS180
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

45 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- 50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60
RVSQQRGRPG RLRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60
35 QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNY HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60
RVSQQRGRPG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNV HRQKERTVH 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60
RWKIPKILFA TDFYN 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGG LSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVVP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDNSV WEPEADA 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120
TGVGTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGV EKT180
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240
GPVPPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60
RWKIPKILFA TDFYN 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTNSV WEPEADA 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120
TGVTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVEKT180
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240
GPVPPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHFGA RRVQ 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60
AQVVGRLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVVLQ AVVGEVPQDV120
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTSLHGA VGILK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGGGCA180
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240
HLRMPAPCR LVSPGS 256

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSPRPV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60
AQVVGRLVD PLWEPLQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRMPVALG180
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240
20 GAPTLPGLD LQSGSPRGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARSFIS RHSQGRRED 60
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120
SLFQSMEITE LEFVQIIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRREDAL SSEGCLWPSE180
STVSGNGIPE PQVYAPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240
45 EPPPYQGPT FKVRDFEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLVHQLQT120
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240
20 GAPTLPGPLD LQSGSGPRGGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVHQC KRSLEFSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQGRRED 60
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRREDAL SSEGCLWPSE180
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240
45 EPPPYQGPTW FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Prot in

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSL MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60
TQEGHALKT VVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSCSLHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNGDW120
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSLS MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60
TQEGHALKT VFDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHKGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60
GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNWS AQRGVRGLSY 60
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120
LPH 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60
SGHPGRTPAT CCHCAAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPO RLVQDVSGPL RELRPRCLHL120
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHADEVVA180
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTPPT EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNNGSACSSR240
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAEEAKEKAR AMRVNKRAPO MDWNRKREIF300
SNF 303

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60
GNPEPQNVIP PGSAWDPVL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGPI20
LPH 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQGSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60
SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRCHL120
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180
SIKAREDEAR LLVDPETDE HFKRLRVTPT EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300
SNF 303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLGNRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120
LVTGDGRGPS TCSSVGVTSS RLKCSSVSGS TTSSRASSSR ALMLATTSAW RSPSTFCPFT180
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLGNRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120
LVTGDGRGPS TCSSVGVTTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLRDDAA ADCLFLRPGL240
PGVPPFLHR GGGDLPNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60
QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHG GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMTPEGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDAA ADCLEFLRPGL240
PGVPPFLLHR GGGDLPSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60
QHCHCPDSSL GSVAAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWSH GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPFHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

10 LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TEQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120
ISAGAPPED RVGGEPSRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60
FLK 63

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

10 LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVV SGHPHSCRAV120
ISAGAPPPED RVGGEGLPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCITYFQT60
FLK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRMLCHYI QKQDNLKLNQ CPLQSQQVQP HSRPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60
VVLFFLQTID IYS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLGVII KSLTEHGVA TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60
GYPIEFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VVSDIVKGG IADADGRLMQ GDQILMVNGE300
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNKLNG CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60
VVLFFLQTID IYS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA A TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60
GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGL 60
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLQNKET EPTVTTS DAA VDLSSFKNVQ180
HSGASQGGRG VVVLSSAKKI HSVES S 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180
HSGASQGGRG VWVLLSAKKI HSESS 206

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLEIKYIA ENGTFPINNQ 60
PLSEEQLIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

50

TTGRERGC RP CAGLFYCF LF LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVY ERRLIEKYIA ENGTDPINNQ 60
PLSEEQLIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

50

TTGRERGC RP CAGLFYCF LF LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20 FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60
LVQGFFIVFF F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

45 EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAAE DPEAADSGEP QNKRTPLPE120
EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEV VDESPDFEI HITMCDDDP TPEEDSETQP180
DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

CDSSWRVCS SGAE

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60
LVQGFFIVFF F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

45 EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTDLP120
EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180
DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASQR240
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15 ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTSSNSRV ASTSIFLTAS 60
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSPRR120
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

35 VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDDFF LHILFFRQIW 60
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120
40 ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15 ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60
 SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWP RR120
 CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

40 VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60
 SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120
 ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDG YV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPA60
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einz l

(D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPAPPA60
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60
LHDRIRQTPV PLPAELRLRH VPHPRQLQSS RPAPALRPLK VSRELETSPR SGRQAQTLQI120
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

- 5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACES120
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFFLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

40 TQNTGNRSFA PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120
45 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

- 50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

- 5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120
RTPAPPRKGG AVTSVLCFL IKTFFLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

40 TQNTGNRSAP PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120
45 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

- 50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISS ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120
QGAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60
VLRDQNSHQ RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120
QGAEGRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

30

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALDELGGR LKECVVILSK M 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60
SISDLQLGKD SPTNKLKYAK EIPEYRKIVQ RYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

30

IIFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALDELGR LKECVVILSK M 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCP RPSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120
WPQTVSSSVR FLLLGRLLVE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45 SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120
LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

```
TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPYLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGE180
EPVFRAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRFPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
TDELWASLEA AAKRKL SGL E QPQ GALQTRR RKKKRPGSTS P 401

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 50 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
40 DSGILRVVHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180
EPVFRAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
45 TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRP GSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPV I PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60
 THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120
 ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180
 15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
 20 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFSL SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60
 ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPV I PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60
 THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120
 ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180
 15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60
 ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60
 SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60
 RVSKETGLGS Q 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60
 LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60
RVSKETGLGS Q 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60
ASWRVRRRLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60
ASWRVRRHLV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF5 ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPAW GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
ASRHLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF S ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPA GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHVV GQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISEEDVGDG GRLVVQAEAG 60
EQQEQQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD TAEALTPEVG LVGEGHLFGG120
EKVHCCQRL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

30

PSILIPMPG GFFSVMVRAK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD TAEALTPEVG LVGEGHLFGG120
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRI PC WRILIGRQET TG 52

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCP SRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60
RNSPQAPAGQ STTSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60
RNSPQAPAGQ STTSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVKN LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60
QCRFPGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120
ASWDLGGMGT MASTQMSWK M APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120
ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AOVACCLTSL180
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60
FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120
TPWNLHMLTS YYKPTHPLQS SGTGHPL 147

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60
TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120
25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60
RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120
VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120
 25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGE CRNLLWAFTE LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTE LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPELDACCA60
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGV LG ARAALSRSWQ EARLQGV RFL SSREVD RMVS 60
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWPHNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKPGRVSAS SVPERWIAWS 60
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRSWQ EARLQGVRL SSREVD RMVS 60
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- 5 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

20 PILLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

40 RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- 45 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPPARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50 SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSFARRTR TPFCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVFGRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPI SQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPI SQNM FLLLNNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGW SHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAAPR EVRLHLSALF60
VLLLATLGFL LGTMCGCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60
VLLLATLGFL LGTMCGCCMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50

NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRS DK S ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPREL RV PSVRFWIDWP WVLT

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60
FTEAMSQ

67

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPREL RV PSVRFWIDWP WVL T

.34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60
FTEAMSQ

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVNDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFNFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFNFIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKKG WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50

GEGRVWNPEG SKSRHWPDP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK

89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDLNLWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS

89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: lin ar

50

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNNS VPS

73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNS VPS

73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180
25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

NKSPLQAPYV EYFILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLP HVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVE D F QGVGESEPNP 60
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180
25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEE EAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMQMKGASCE 60
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKA L GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

EKFFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

30

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

50

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

30

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

50

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRI LQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKPHA LVTKYFYS

48

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSQQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSQQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GRKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HSDPSFHYY LQRCYYAPV YRGCPTMTVP 60
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI 60
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCYYAPV YRGCPTMTVP 60
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHSKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTTFSSSPE AQTLlyLTTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHG GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLK GK NTTFSSSPE AQTL LYL TTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGERAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTV VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGEAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

5 GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
 GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
 ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCG TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
 10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
 ATAGACCACT CAGCTTTTCT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
 GTCATCCCCT TCCTGCCCCC GGAGAGCTCC CCGGCCAGC TCAGTCCGA CACGGCCAGC 720
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
 15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGCA 900
 CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC1020
 AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTGGCCG1080
 20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC1140
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCTACG1200
 GCCTACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG1260
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACACATG TGGAAACAGA GAGGGTCCA GGCGCCAG1320
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCC1380
 25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGA1440
 CAGTGAAGA TGAGGTATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG1500
 ACAAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA1560
 CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC1620
 30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
 ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
 GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
 5 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATAACAC CTCTCCAAAT 240
 ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
 10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
 ATAGACCACT CAGCTTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
 GTCATCCCCC TCCTGCCCCC GGAGAGCTCC CCGGCCAGC TCAGCTCCGA CACGCCAGC 720
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
 15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GGCGGCGGCA 900
 CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020
 AGAATGCCCT TTGGGGGGCA GGGGCCCTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG 1080
 20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC 1140
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCCTACG 1200
 GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCATAG TGGAAACCAGA GAGGGTCCCA GCGCCCCAG 1320
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCCC 1380
 25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA 1440
 CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500
 ACAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA 1560
 CAATTCCAAT CTCTCTATT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC 1620
 30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55 AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
 ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACACG 240
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGCG ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGCGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCAGT 1020
 15 AGAAGTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA 1080
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC 1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200
 TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG 1320
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTAG 1380
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440
 TCATTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC 1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC 1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA 1620
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC 1680
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC 1740
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG 1800
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC 1860
 AGGTCAACCC CTTTCTTCC CAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG 1920
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCGAG 1980
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG 2040
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT 2100
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT 2160
 AAAGCAGTTT CTTTCTTAT AAAGTGGAA CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC 2220
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGGCTGGT 2280
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTG 2340
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA 2400
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT 2460
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACCT 2520
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGATC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG 2580
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCA 2640
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCAACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG 2700
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGCG TCTGGCTGTC CCTGTGCCG 2760
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA 2820
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG 2880
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC 2940
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCTAGAT 3000
 CATTGTCTTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG 3060
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC 3120
 50 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA 3180
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC 3240
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT 3300
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCCGCTG TCTGTCACGC 240
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 GCCAGGCGCC CGCCAACCTG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGGTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCGTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
 15 AGAACTGGGT GTCCAACCTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCGC1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
 TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTTC1260
 CCCTCAACCG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
 ACGGGCGCTT CCGTTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
 TCATTTAACT CAAAACGGAA ACACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATT TCGTCACTTC1680
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTTCACTG ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
 30 ATCTTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
 GCCCTTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
 AAAGCAGTTT CCTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
 35 TGAGTTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
 CCTTTTCTA GGAACGTGCA GAAATCCTCA TGCTTTTCAA GAACTTCTGT AATGACTTGA2400
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAAACT2520
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGTA TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700
 CGATCGTCAG GGGTGCCAG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
 CATGTGCCTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
 50 ACAGCCGAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTGCGA TTACTTTAAA3180
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTGAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCCCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTCGCGCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTACACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720
30 GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCGCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTCGCGCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTCCT CGTCCCTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT480
TCCAGTGC AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATT CACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720
30 GGATTGATAT TTATTTTGC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACT GTGTTGTTGC CGCCCGGCCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300
 CGTNGCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCCT 420
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
 TTGCATAAC CACATTGTG ATCTCTAGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
 CTGGCACCCC CTTTCCCTCC CTTCTTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
 AGGCAGCCCA AGGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
 TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TAGGTCCTCG GTGGCCTCG TCTCTCCCC 960
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTT 1020
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080
 GTCCCGGCCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140
 GGCAGCCAGA GGCAGCTGG ATGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGCA 1260
 25 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCGCCT GGCTGACATT 1500
 CTGAGCCCC CTGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTGA 1560
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTG 1620
 GTGCCGCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680
 CTGCCCTGCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG 1740
 TGCTGTCTCG GGACTCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800
 CCAAGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860
 35 TGGAGGGGAG CGCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGTGCC 1980
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCCACAGCC 2040
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160
 40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA 2220
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAAAC 2520
 TCCAGGAAC GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC GTAGGGCCA 2580
 TGGCTGTATG TACTGTGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700
 50 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAA 2760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einz In n ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACT GTGTTGTTG CGCCCGGCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCC 60
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300
 CGTNGCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCC CAGCCCTCCG 360
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGG CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCCT 420
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
 TTGCACTAAC CACATTGTG ATCTCTAGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
 CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTTGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
 AGGCAGCCCA AGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
 TCGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGG TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCTCCCC 960
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTG 1020
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140
 GGCAGCCAGA GGCAGCTGG ATGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGCA 1260
 25 GCTACCTGGA CCGAAATGT CCTCATCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCCT GGCTGACATT 1500
 CTGAGCCCC CTGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA 1560
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG 1620
 GTGCCGCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680
 CTGCCGTGCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCTCG 1740
 TGCTGTCTCG GGACTCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800
 CCAAGGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860
 35 TGGAGGGGAG CGCTGCCAT TGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC 1980
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCCAGAGCC 2040
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160
 40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGGCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA 2220
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATAA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTAAACA 2520
 TCCAGGAAGT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCTC CTCCAGCCTC GTAGGGCCA 2580
 TGGCTGTATG TACTGTGCT GTTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700
 50 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA 2760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```
15  GCGGGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
    GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
    ATTTCACTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
    CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC AACAAGACAA GTCATCGGCT 240
    ATTTGTGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAACAT GGAGAAGAAG 300
20  AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
    AAGAAGTGGG AGAACCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
    AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
    TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
    CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25  CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAATAA TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
    AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
    CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780
    GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
    CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30  AGACGAAATC TGGAAGTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
    TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG1020
    G                                     1021
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

15 GCGCGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
ATTTCAAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTCA ACAAGAACAA GTCATCGGCT 240
ATTGTGGAAA TATTCTCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20 AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
AAGAAGTGGG AGAACCCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25 CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAATAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780
GCCCCAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30 AGACGAAATC TGGAAGTTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
G 1021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTTC TGGCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTCAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CTTTCGGAT TACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCCCTCC AGACAGTTTC GGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTTGAAGC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCTT TTCCCCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCTCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCTCA GGAAGTCAAG1320
25 GGTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTTCT1380
CCAGGGAAAA CTTGAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCCCT1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAGGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA1500
CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGTATTCCTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTGGAATC CCACCCAGGC TGATCATTTA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCCTG CAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCCTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTAT GCAAGACCAT2160
GAAGTTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTTCATCAT GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCAA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTTCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGAAA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTTA TATGTGCTT CGGTTCTAGA CTTTCAAGCTT TGGAATTCG TAAATAGAAT2640
TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTTCAATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCAATTATA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATCTTA TTTATGCCCC CAACCATTCG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTCACCTT TTA AACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGGTGTGG
2889

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

5 GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
 GAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTCTGT 180
 TCTCTTCATG AAAGTGTCT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCAC TGGTGATCAA 240
 GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
 CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
 AGCCTCCCTG CTGCTGCCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
 10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
 ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATCGGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540
 CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
 CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
 GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
 15 AGCCCTCCC AGACAGTTTC GGGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
 GATTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCAGGAC AACAAATGGCC TGTGTGACCC 840
 TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
 CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
 AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGAGA 1020
 20 AACAAATATT GATCTGAAA ACCGATTCTT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC 1080
 AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT 1140
 GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTCCG AAGATGGGAG 1200
 TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT 1260
 GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGAAGGAG 1320
 25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTC 1380
 CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGCCC 1440
 TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA 1500
 CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA 1560
 CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG 1620
 30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTG ACTACCTTCC 1680
 AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTC TGGAGTATTG ACCAAACGGA 1740
 ATTTGGAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA 1800
 TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACAG ATCATTCTTG CAAATCACC 1860
 AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAGCCAA 1920
 35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA 1980
 AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA 2040
 GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGACGAA CCCAATGA ACCCAAGCT 2100
 GGAATTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCT GCAAGACCAT 2160
 GAAGTTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTCAATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT 2220
 40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT 2280
 TGTAAGCCA AATGTGTAAC AAAGGCAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG 2340
 AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG 2400
 TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA 2460
 GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTT 2520
 45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAA 2580
 CATCTTTTAT TATGTGTCTT CGGTCTAGA CTTGAGCTTT TGGAAATGCA TAAATAGAT 2640
 TCAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTCATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCT 2700
 TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACATTGC 2760
 TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAA 2820
 50 TGTTTACCT TTAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGTGC GGGAGGGGG GGGGTGGTGT 2880
 GGGGTGTGG

2889

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

5      AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
      GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
      GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20     ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
      CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
      TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
      AGAGGTGGCT GCATAACCTT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
      AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTTG TGGTGAACAT TGCCCAGCTG 480
25     AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCTTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
      TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
      ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
      AAGAGGAAGT CCTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
      GGTATGTGTA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTAGGG TACTGGCCAA 780
30     CGACTGTTCA GCGTTGTCTA CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
      CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
      GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
      CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
      GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35     CCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCACTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
      GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTCACTGTC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
      GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
      GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
      ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40     AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
      AACGGCACCT TCACTGTCAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
      TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
      GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
      CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45     ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
      GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
      TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
      GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
      GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTAG1980
50     GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAGAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
      AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
      GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCCTGGTG CTAGGAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
      GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
      ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55     TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAGAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
      AGCACCACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
      ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
      CCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
      AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```


(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGAAC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCACTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTCACTGTC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
40 ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTC CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
50 GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTTCAG1980
GATCCCAGGC TTTTTCAGAG GGAAGAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCTGGTGT CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAAGAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCACCAAGC AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCCCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
 CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820
 5 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
 ACACCAAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCTT3120
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTGTGGCAT CTCCTGTCCT3240
 GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCAGG CCGCACCATT3360
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAAC CCCTGATGTT3420
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAGAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
 TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAAGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180
 GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300
 CATCAGAACT CTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTGTGAAA 360
 50 CCCCAAAAC AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420
 TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480
 AGTGGAACTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCAC 720
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTGTG CGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
 CTGGCCTAAT TGTTCCCTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
 5 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820
 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
 ACACCAAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
 CAGAACGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGGCAT CTCCTGTCTT3240
 GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAAACAAAG AAGTGTTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
 TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180
 GGTTCCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300
 CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360
 50 CCCCAAAACCT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420
 TGTTCCTCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGCATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480
 AGTGGAAGT GAGAGTCACA TTTTGTTC AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCAC 720
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGCGGCG CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

CTCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
 CCCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAGTTGCAA CCTGAAAACA1080
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCTG GCACGGATGG CCGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
 GGCCCAACAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGCTA1740
 15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
 CTTTTCTGCT TTCCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400
 GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCC GGTCAGCTAG GAGGGCGACT GCGGCAGCA2520
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCACACAC2580
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
 CCCTTCCCCC CAGAG 2775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

CTCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
 CCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTACTTGCAA CCTGAAAACA1080
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGTGGGAAG1140
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCCTC TTAGAGGAGG1260
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCTGAT ACAGGATCTG1320
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTGTACTCC1380
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCACTAAG TGGCAGGGGA1440
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCC1500
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCT1560
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CGGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
 GGGCCACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740
 15 ACCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCTATAG1980
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTTCT2040
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
 CTTTTTCTGC TTCCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400
 GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCC GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GCGGCAGCA2520
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTCAGG TGCGACACAC2580
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
 TATCCCTCCT TTTCCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
 CCCTTCCCCC CAGAG 2775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
 GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
 GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
 5 GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
 TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
 CTTCCCTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
 ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCCTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
 CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCTGTGG600
 10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTTGGGACC660
 AGGCCAATCC CTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACCA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
 TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTTGCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780
 GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
 AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
 15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCAC TAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
 GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
 CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
 GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
 45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360
 CTGGGACCTT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCCAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
 GCTCTGTCTT CCCCCTGACC TCAGTTTCCC CCAAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
 GGGGCCCTCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAT TCTTTCCTCT TTGGGCAGTT 540
 50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
 ACAGCAGCTG GTTGGGTGGT GTGGGGAGG CGTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
 GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTCCTA ATTTAGAAAA ATCTAGCCA 720
 GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
 GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
 55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGGCCTC 900
 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960
 GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
 GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TCGGTGGCT CAGAGCACC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTG GGTGGTGCTT CCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACTA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTGTCTCC TGGGTCCCT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTCC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCTT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCTC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCTTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCTT TAGGATTCAT TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGCCCTC 900
CCCCGCTCC GCGCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCGCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GGCGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140
 CTTGTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
 CGGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGTCTCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCC1860
 GACGGCTCTT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGG1920
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
 TGCTCGGCC TATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAAGGAC TCCAACTTTC TCCCTGATGA 480
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAAGCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCTCG GACAACCTGG 600
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780
 CCNTNCCCC TNGCNGGCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GCGCGCTTGA 840
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTA 900
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC CTGAGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCAGCCCC1020
 AAGTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCTCGGTC CATAGAGAAC1080

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCCAG1140
 CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGCTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
 5 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
 CGGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGTCTCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
 TTGATCTGCC CCGCTTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGGG1920
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCCACAT 240
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
 TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAAGGAC TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780
 CCNTNCCCCCT NGCCNNGGCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GCGCGCTTGA 840
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
 GGAAAGNTCN CCGGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260
 AAAAAAAAAA AAAAAAAGC CGCTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320
 5 TGGGGTCTCT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380
 AGGCTCCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440
 GCCTCTTGGG CCTTGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560
 CGTCGAACAG 1570

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
 15 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 20 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA CGCTGTCTCC GGGGCCCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380
 AGGCTCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440
 GCCTCTTGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560
 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTT AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAACT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180
 CACACTACTG CCCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300
 40 CCTAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCAGGCC 360
 CCACTTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTT 420
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAT 480
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTTG 540
 GACTTGATGG TGTAAATAAG CATTAAATGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780
 GGCTGCTGTG TTTGCACTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCCTG 840
 AAGGTAGCTG GTATGCTGTG GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960
 AACAGTGTGG CTCTTCATT TTTCACTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCTT1020
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCTAAA GCACGTCCCA1080
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCTCATT TGCTGGGCCA1140
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTTG CCTCTGACTC1260
 TAACACACTC TTCTCTCTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560
 TTTTCTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680
 5 TTTGGGTCCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAAACAGTG 60
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180
 35 CGGAGGAGAA CTTCAATTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCTT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240
 CCGGCATTCT GCTTTCCGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360
 TTTGAGTCTT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCAA ACCTGCGNCC 420
 CCCAGCTACA CCCGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCC 480
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANG NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGNCAT 660
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACTTGATG ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCNTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900
 GCCTTCACAG ATTTCACAGG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTACCAT GCGTGATTGT1500
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560
 TTTTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGT1620
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680
 5 TTTGGGTCTT CTAACCTAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAACAGTG 60
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180
 35 CGGAGGAGAA CTTTATTTC CAGCAGCCCT TAAGATTCTT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240
 CCGGCATTCT GCTTTCGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTACGGCC AGTTTGAACC 300
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCCAGCCT 360
 TTTGAGTCTT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCTT 480
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACATTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCTNTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900
 GCCTTCACAG ATTTACACAG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 960
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTA CTGCAAA TAGTAGCACT TCA CTGAGAT CTACA ACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTICA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTATCCCTT CTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCGAC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTTGGAC 360
TCAAGA ACTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGA ACTCC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTT TAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAAAT CTCAGAACTT TACAGGACAT TTAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTGTGCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTCTTCT CCACATTTCA AAAAGTTGTC CTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAGAAAT GTAAAAAAA AAAAAAGTT GAAAATTATT 1260
40 TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCCAGA 1380
GAAC TACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT 1500
TTTGGAATA CTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAC TTTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTCTTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAAC TCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATCCAGAA 1860
ATGTGCATTT TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTATGT TTGTTTTAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATT CAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTTCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTT CAG ATCAA ACTTT TACTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTGCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTC AAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCGAC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTTGGAC 360
TCAAGAAGCTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAAGTCC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTTATAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAAAAAT CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCAATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTTCT CCACATTTC AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGCTGTAAG GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCAATGAT TAAATATTAT TTAAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAATTATT 1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
40 GATTCATAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGA 1380
GAACTACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTCTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGG 1500
TTTGGAATAA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAATCATCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTTCTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAACTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA 1860
ATGTGCATTT TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTCATG TTGTTTAAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTTCAG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTTCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAAT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25

TTTTTTTTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTTTCCTCC CTTCTCAGCT 60
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTA CCATCCCCAT300
 TTTTATCATA TTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420
 CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660
 TGAACATCCC CTTCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
 ACCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
 TTGCCCGGC GCGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTT CCCC CTTCTCAGCT 60
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300
 TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420
 CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAAG480
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGTGACCA660
 TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
 ACCCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
 40 TTCCCGCGGC GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
 GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
 CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
 15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
 CAGCGGTTC AAGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
 GAATTACAA TTTAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
 CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
 20 GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
 TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
 CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
 GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
 25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
 CCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGTGTC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
 AAAA 1024

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
 55 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
 TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

```

CGGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCTTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
GTGGTCTACC TCGGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCTT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

55

```

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180
  
```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCTGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA ACAAATAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTT TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCCTGT CTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA
1322

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

```

GCCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAAGCAAA GATGAGTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
 GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
 ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
 TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
 5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
 CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
 ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCTGTCTAG CAGATATTGC 600
 GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
 AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720
 10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
 GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
 ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
 TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
 ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
 15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
 CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
 ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCGTG CTTAGTGAC1200
 AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
 CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
 20 AA 1322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

GCGCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
 ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
 AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
 CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
 50 AACCAGCAAA GATGAGTTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT CGAGACCCAA 300
 TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
 CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
 ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
 CTTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
 55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
 GGGGTCTGAT TCCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
 GACCTCTGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
 GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

CCTAAGCATG AACAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CTTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCTGTA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT 1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCTTG AGGTTTAATG GGGCACCAC 1080
 AGCCAACCTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA 1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT 1380
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAG AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC 1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAAG 1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC 1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT 1980
 GTTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTT ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCCTAAATT ACAATTGTGC 2100
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTCTTATGA TTAAGAGGGT CTTGGTTAAG 2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAAGAGAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400
 TCAGTGCACCT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTGTCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTAGA 2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA 2640
 TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760
 CCTGTCACTG GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC 2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTGT TTTTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAAGTGGT 2940
 TGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTGAGAAC CTTNGGAGAT CAGAAGTGTG 3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG 3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC 3120
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN 3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNGGANNGA GGTNNAAGG ACTTGNACCA GGNATCACCA 3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT 3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNNAAGCA CCTGTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCTTCTC TGCTTTTGTG AGGGACCTGC TCTGTGCTCA 3660
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAAGAGG CCGTCTCTCA 3720
 50 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANACAG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG 3900
 CCCCCTTACC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG 4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACACCTGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN 4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTT 4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT 4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAA TTTAAATAA 4440
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCGTCA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT 1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCTG AGGTTTAATG GGGCACCAC 1080
 AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATA 1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAT 1380
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAG AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAGAGC 1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCA 1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC 1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT 1980
 GTTTTTTCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTC ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC 2100
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAGAGGGT CTTGGTTAAG 2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400
 TCAGTGCACCT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTCA 2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAG 2640
 TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760
 CCTGTACAGT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC 2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTGT TTTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGT 2940
 TGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTGAGAAC CTTNGGAGAT CAGAACTGAT 3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTG 3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGAGAC 3120
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN 3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNGGANNGA GGTTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATACCA 3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTACT 3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAAGCA CCTGCTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600
 ANGGTGTCTA GTTCATGCTG GTTTCTTCTC TGCCCTTAGT AGGGACCTGC TCTGTGCTCA 3660
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CTTGCTCTCA 3720
 50 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840
 CTGATCTGCT TTGGGAATGG GCGGANACAG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG 3900
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG 4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACCTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNN 4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATG 4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT 4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAA 4440
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```
25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCTGCCC 60
   AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
   ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
   GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
   TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
   CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTCG TTCTGTTTCTAG AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420
   TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
   AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
   TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGGAAGAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
   GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGCT GGCTGGTGGA GTAGCCCAA AGAAGGGGAG 720
   CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
   CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGTT 840
   TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACTCTGT GCACTTTGCT 960
   GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
   GGTAACATAG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
   AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCTT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
   GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGACTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
   AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
   TTTTTTTAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACCTATA GAACTCTTCA1380
   TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAA1440
   CACGATTGCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1562
   AA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```
25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCGTGCCC 60
AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
ATGTCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
TCCGGGAAAG AGGAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTG TTCTGTTTCA AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420
TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGGA AAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAA AGAAGGGGAG 720
CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACCTCTG GCACTTTGCT 960
GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
GGTAACTATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCTT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGA CTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
TTTTTTTAAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380
TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAAA1440
CAGGATTCGC AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1562
AA
```

1562

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGCATGC 540
30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTCACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600
TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATGT GCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660
TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720
TATTCAGAAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCAG GAGCGCAAGA AGAGAGGAA 780
GACTGTGCTT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900
CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960
TTCTGAACAA ATCTGGCTA CCCTCAAAG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTCTGCT TCCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC 1080
GGTCCCCAAT GCCTCTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCT 1140
40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCT GAGCTCTCT GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200
CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440
45 TGAATCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500
GATAACAAC TTAGGTTAAA GTCACATGAT TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800
ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTCACATCA TTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860
TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAT CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920
AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCCT CTTAAGGCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
CTCCCTTCTC GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGACAG 2040
55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAATAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160
CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220
CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
 TCGCACCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTCACAC GCTCTGTACC AGCACGATGC 540
 30 CGCTGCGGT GTATTGCC GTCTACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600
 TACCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCGCCAGGCT GTGCCAAGTT CCAACCAAG 660
 TGTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATT TGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCCAGAGAT 720
 TATTCAAGAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780
 GACTGTGCTT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCGCTC 900
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960
 TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
 TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTTCTGC TTCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC 1080
 GGTTCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGTG TGACAGGCT 1140
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTT 1200
 CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
 TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCGTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440
 45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500
 GATAACAAC TTAGGTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
 GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTGAAA TTAGGGTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860
 TGGCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCGGCATGGG 1920
 AACGATGTG GAAGGAAGAA CTGTCACCTT CTTAAGGCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
 CTCCCTTCTT GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTT CACACCCATT TTGTTGAGT 2040
 55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
 GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAA AAGAAAACAA TAACATAAC 2160
 CACTCCCCG TGTCTGCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCCTTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCGGTCCC180
TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240
30 GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCGCTGTGTA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
CATCCATGCC CCGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
TGTTGCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCTA CCGCTCAGCC CTCCCAGCA CTTCTCCAC780
TTTGTCCGA GCCTCCTTCT CGCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
40 GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900
TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C
931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25

CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCGC AGCCAACCCC 60
 CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
 CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCGTCCC180
 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240
 30 GCTGTTTAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
 CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
 AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
 CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480
 GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
 35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
 TTGGTGGGTC CCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
 CCCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
 TGTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780
 TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCAGCAG GGGCAGAGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
 40 GTCCGTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTT CTAAATATGC CCTTTTTATA900
 TTAATAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
35 HYPRTDGTGAEQPHVEPE RVPARGQDA GGRMTACPL TTWGTPLDPG IGQDPIEHPG180
LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPFGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
CSVKDQTPLO LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
LESSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
15 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWQNAL WGPAGPGSPA 60
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
35 HYPPRTDGTA GAEQPHVEPE RVPARGQDA GGRMTACPL TTWGTPLDPG IGQDPIEHFG180
LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEGK RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240
WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

30 KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120
EPALQRVTPA GRMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35

(A) LÄNGE: 255 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240
WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

- 15 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

30 KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAAARQE120
EPALQRVTPA GRLMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

- 35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAGAAQQ 60
LQTEEQGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRRANTH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
AQTPLRGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

RVATPCPCPM VCNSTFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFT 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRAHHTH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
AQTPRLGAPG PWTPLPLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGGRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

- (A) LÄNGE: 299 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

20 (A) LÄNGE: 299 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

45 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGS180
KLKIYNCELE NVAEFEGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYD TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYLRVVIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
40 DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTNPFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGYS180
KLKIYNCELE NVAEFEGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPRQFRELP DSVPOECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYD TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFEANKIL420
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYYL RVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRLDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
40 KFIWRRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFP120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
10 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

30 RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
GYVNPNTGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKEL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLLEEPG480
NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540
PCHFPCKFSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
WYWCGVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFP120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
GYVNPNTGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLS DAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLSLLEPG480
NGTFTVILNQ LTSRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540
PCHFPCKESS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
WYWCGVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
ARARHRKNVD RVSIRSYRTD ISMSDFENSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFFLQS STVAAEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLVTVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSEFDNLD120
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEAALVLGLN PPLAVHQQGA180
AAILGFPFET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSAG AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

10 ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQDKP AVLTVVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120
LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQA180
AAILGPFPET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSAG AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSIFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIIHRLA 60
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE G 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWVEG 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLLGE GLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNVGG SGRSVAVAL VHQHGVRLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOQVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLLGE GLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAHVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60
ASRGAPETAA FFFFFFFFEP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGGSXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWMLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120
ASVHREHHHH QVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAUVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRARG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGGXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120
ASVHREHHHH QVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

50 ISRNEGVLRV GPSPRSLLR SHSEPPALVL WRDHRLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQQEH 60
TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120
VREKEKGGRK GFSRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKs HTVPCsPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVsASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPExHGPITA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
KXKPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXRTL VHGO TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTPVCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPIA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
XKXPPXEXCL LSXXPPXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPRPP NLRPPATPGA PTXPQNTAX LKXLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLLLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGE GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
20 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQVQVDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5

10

LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180
PIRRRYSDKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
WETRMFAYFR RNAATWKNAV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEPN420
EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHNHQHANG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5 LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQQLL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
TEPKAAPQPL NLVSSVTL SK SASEASQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180
PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
10 WETRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDPVN420
EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHHNHQHAG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

5 QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
SSKNLIPLRLQ KIWKNYLSMN KYKVS YKGP GPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180
NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
QDVGTKTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWKY QNPDYNFFNN300
YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
YESLPSKRKT DVCYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

RCVQGSHFVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVIWVCRPRP IFLRMIKTHL 60
CWFMVTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLPF SLWCWLCGLC GTFCLARCT LGRGGCGCSA120
RSVAAARSAP TPGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

50 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANN TVRMA KGD PKK PKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60
EVPVNFAEFS KKCSE RWKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRYD REMKDYGPAK GGK KKKDPNA120
PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKL GEMWN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180
YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240
RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVS YKGP GPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFF180
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
 QDVGTKTTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNP DYNFFNN300
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
 FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

RCVQGSHEVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVYWVCRPRP IFLRMIKTHL 60
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFP SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120
 RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCASHAAQLH SAPELQTTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLPQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSV FHPQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCQVQ VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQESRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTTQ ELSHALYQHD AACRVIAFLT KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCQVQ VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300
RTNVANFP GH SGPITSIAFS ENGYLLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120
35 VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120
35 VOLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATTRPG LPEHLHGPAV SHRGDQQRDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60
PGPSQRVFGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATTRPG LPEHLHGPAV SHRGDQORDP AYLWQQERH GAPEERYHPC 60
PGPSQRVFGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 1500 bp aufweist.

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäur -Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 40
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert

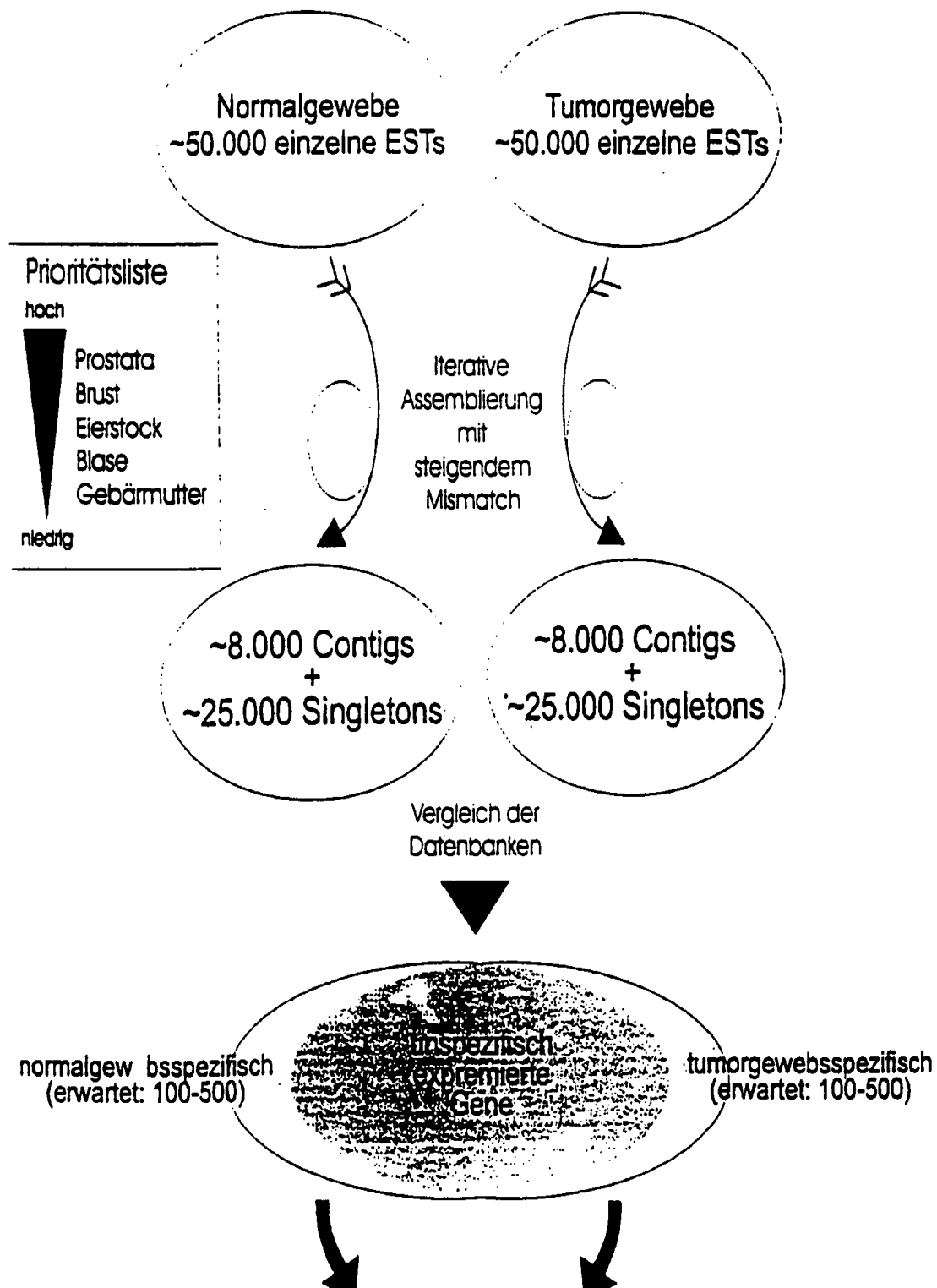
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

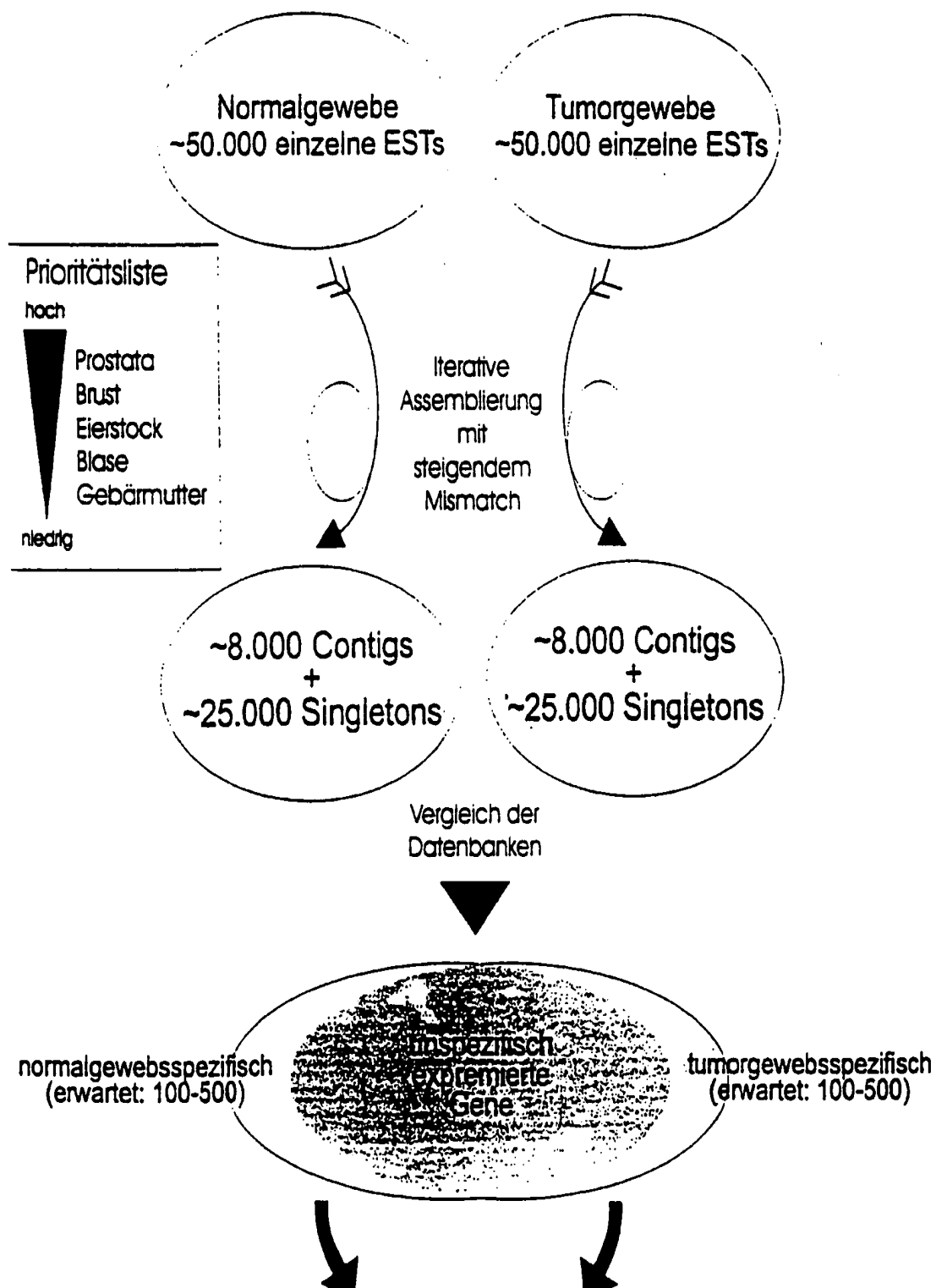
- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

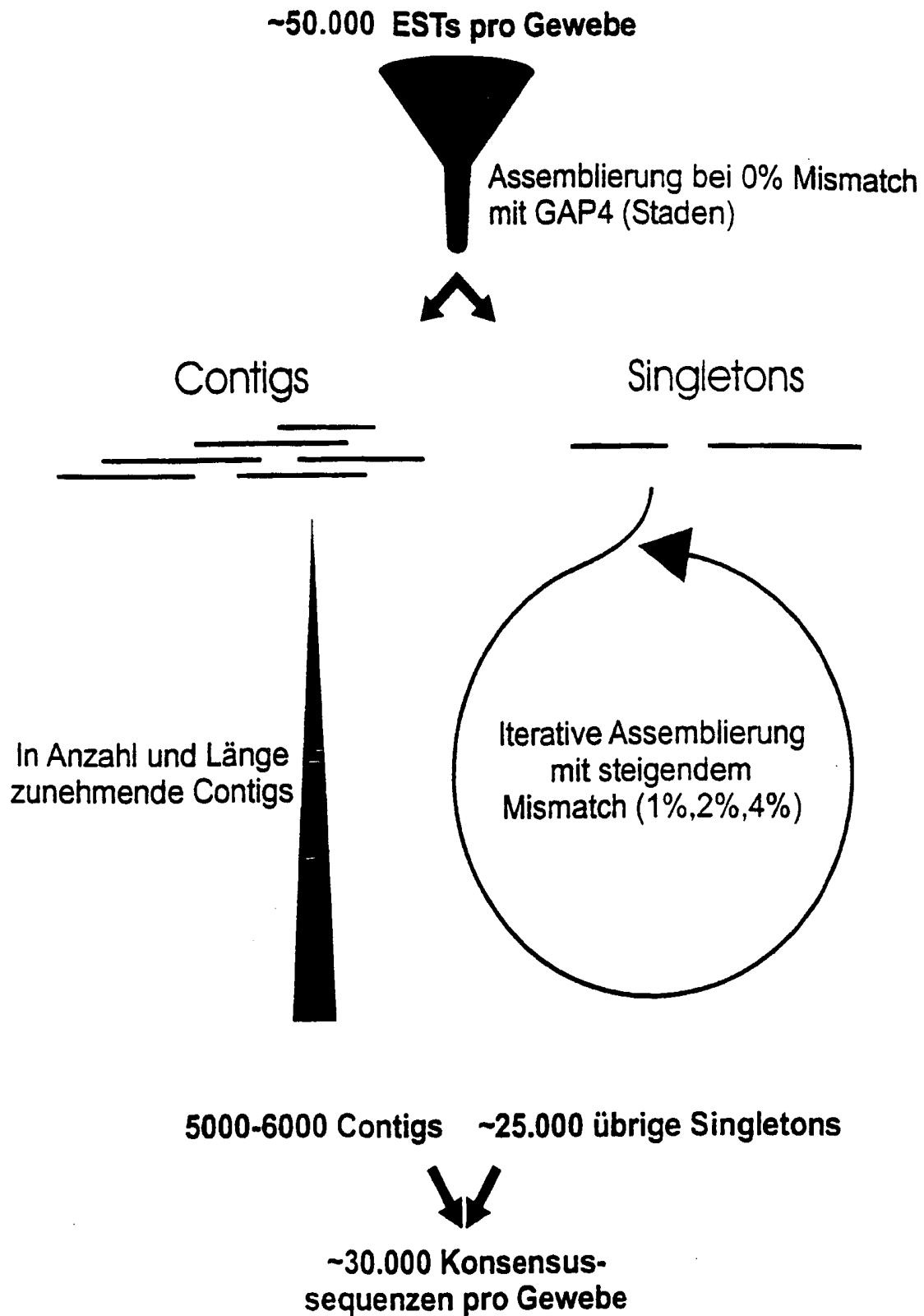
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank



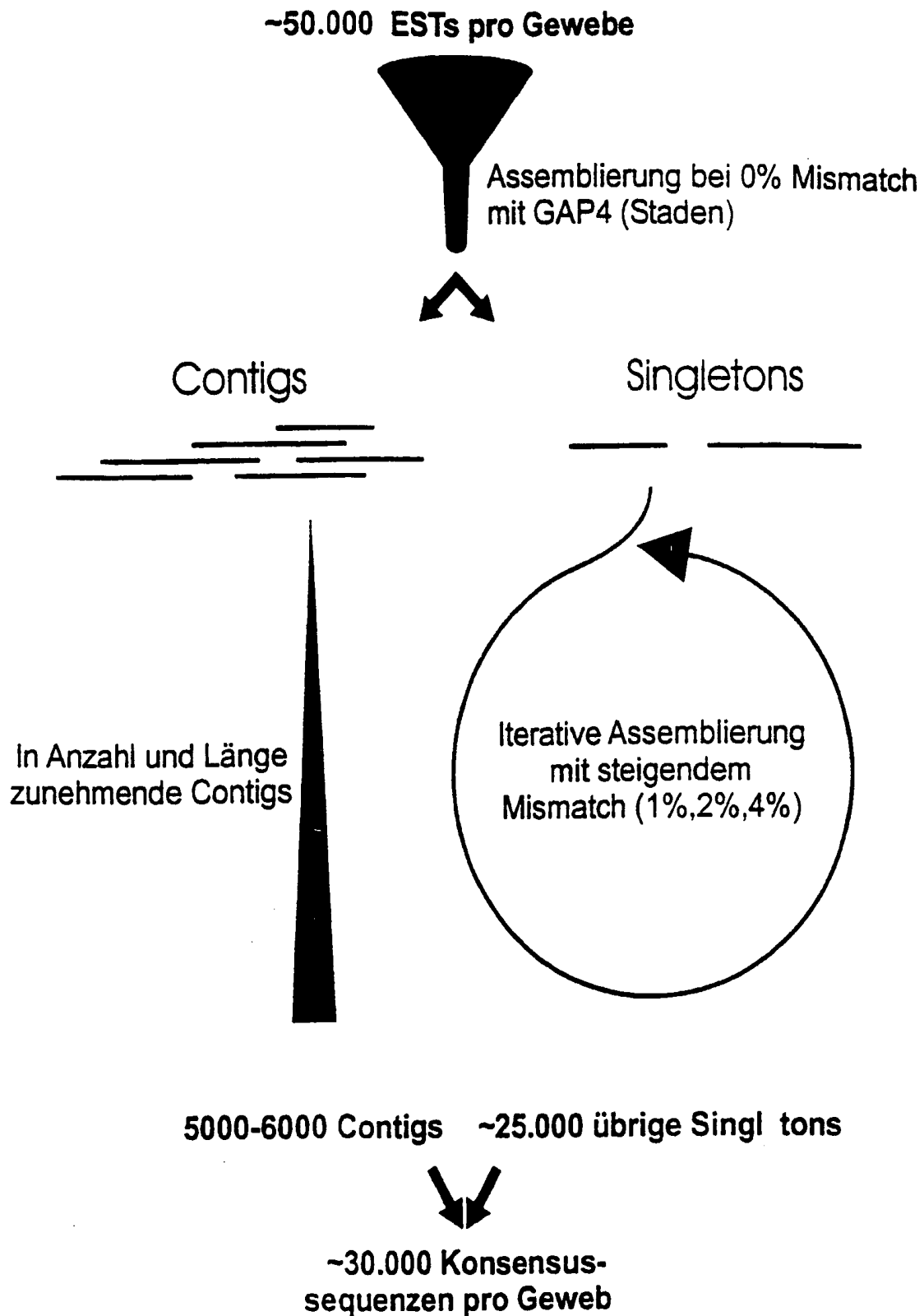
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank



Prinzip der EST-Assemblierung



Prinzip der EST-Assemblierung



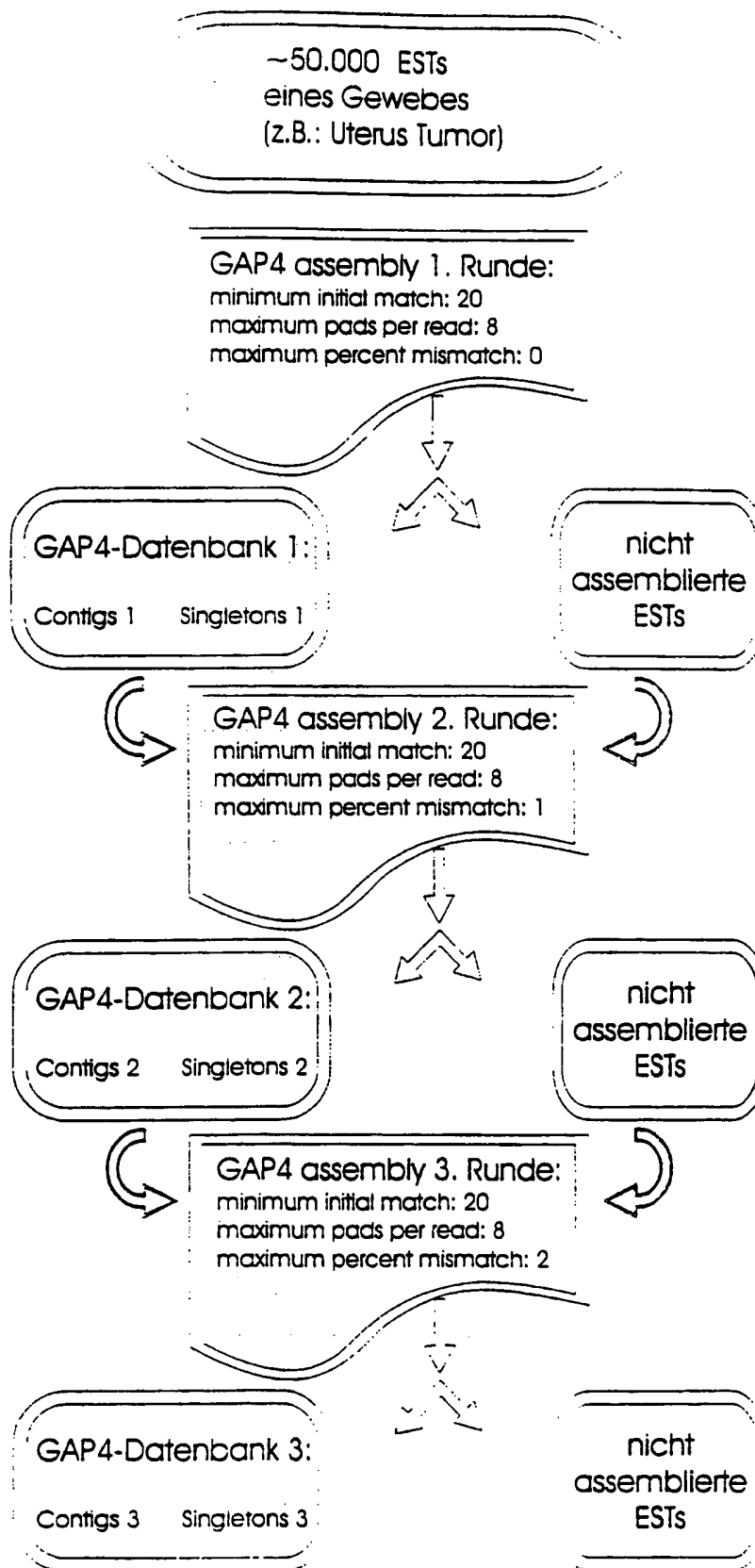


Fig. 2b1

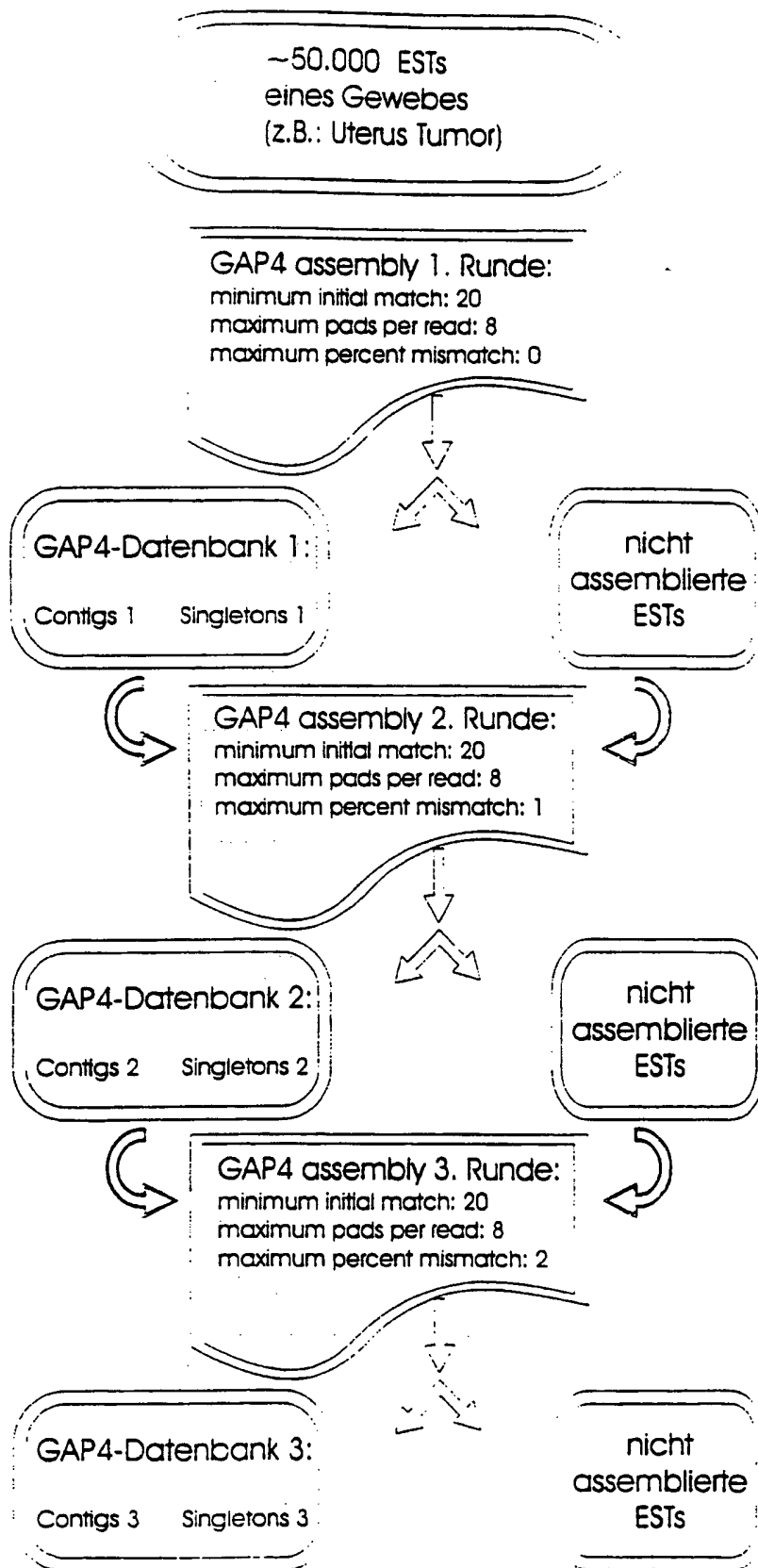


Fig. 2b1

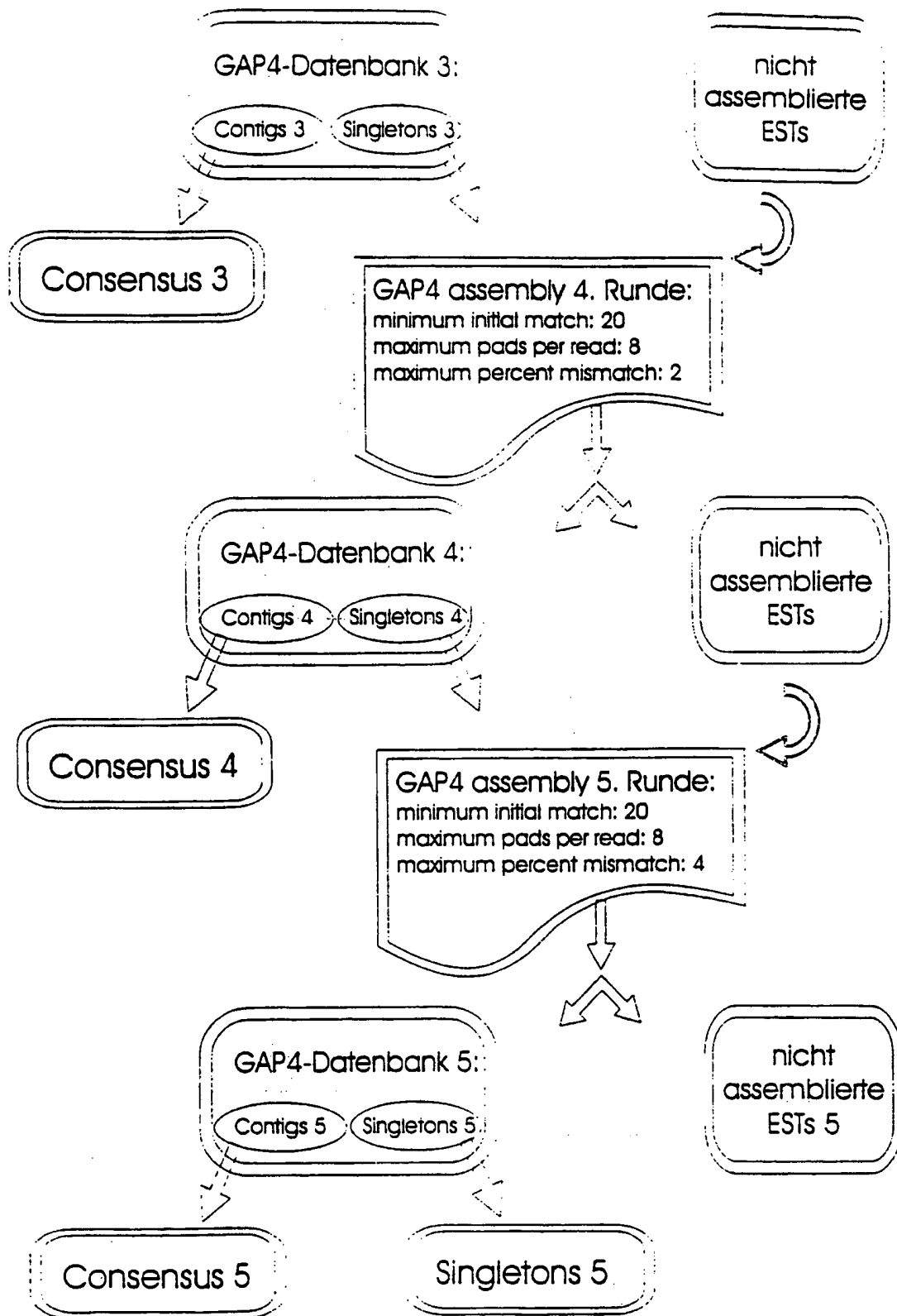


Fig. 2b2

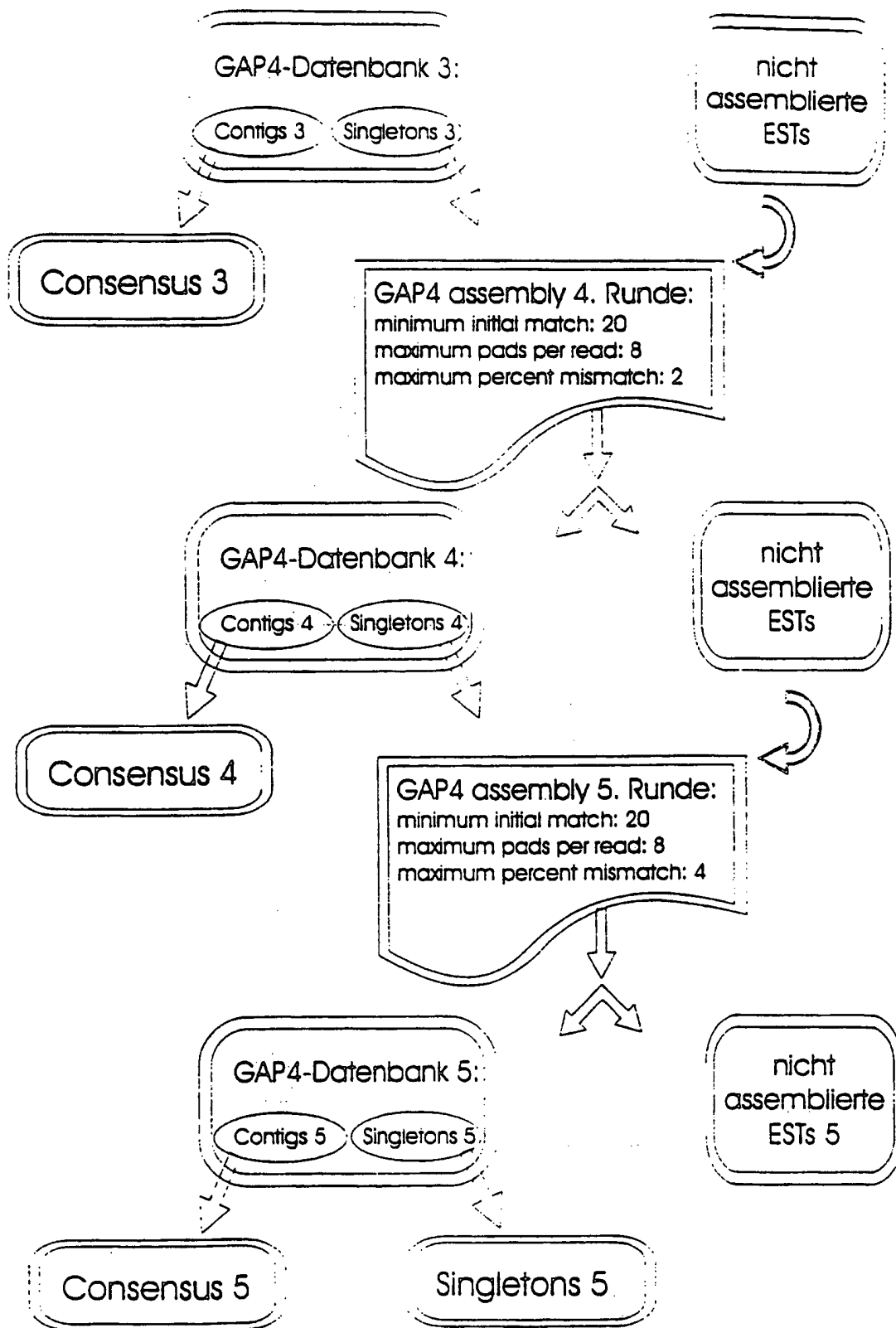


Fig. 2b2

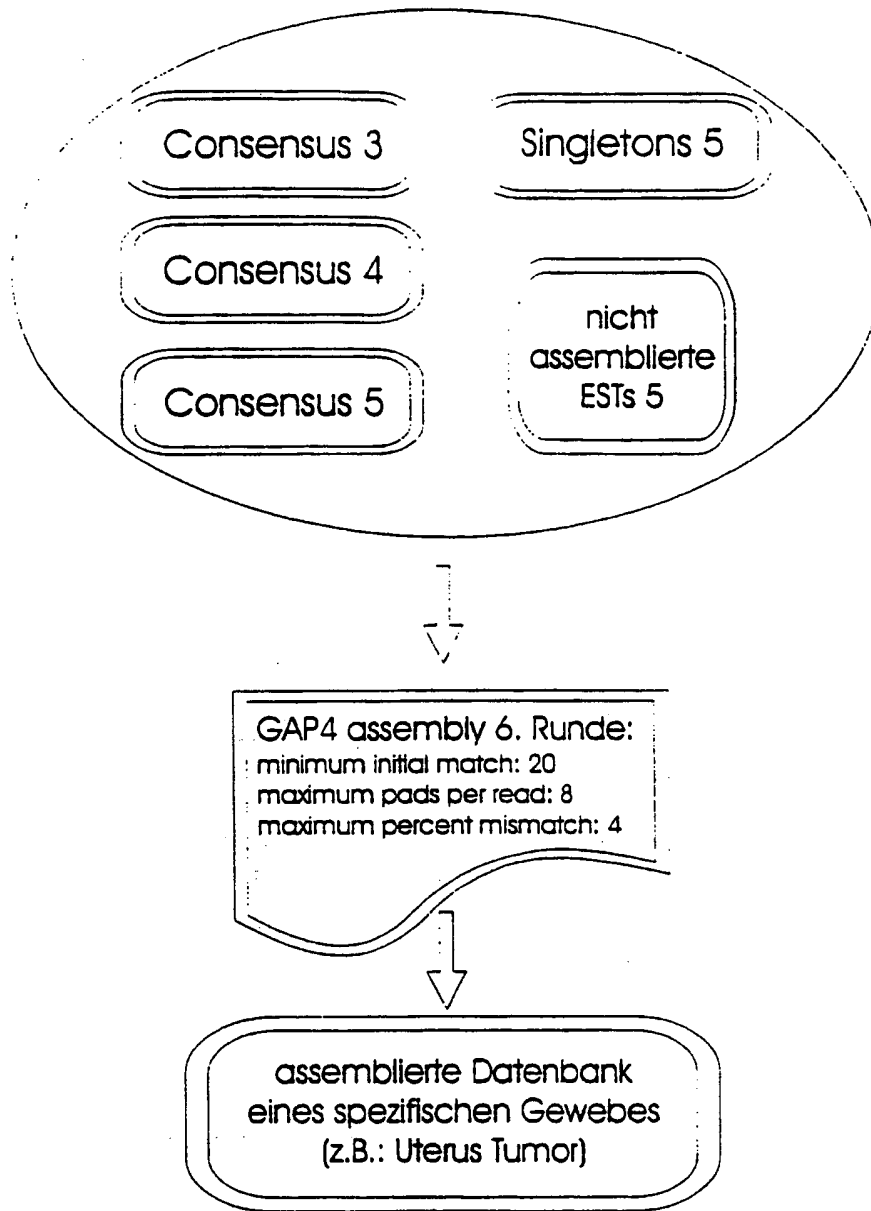


Fig. 2b3

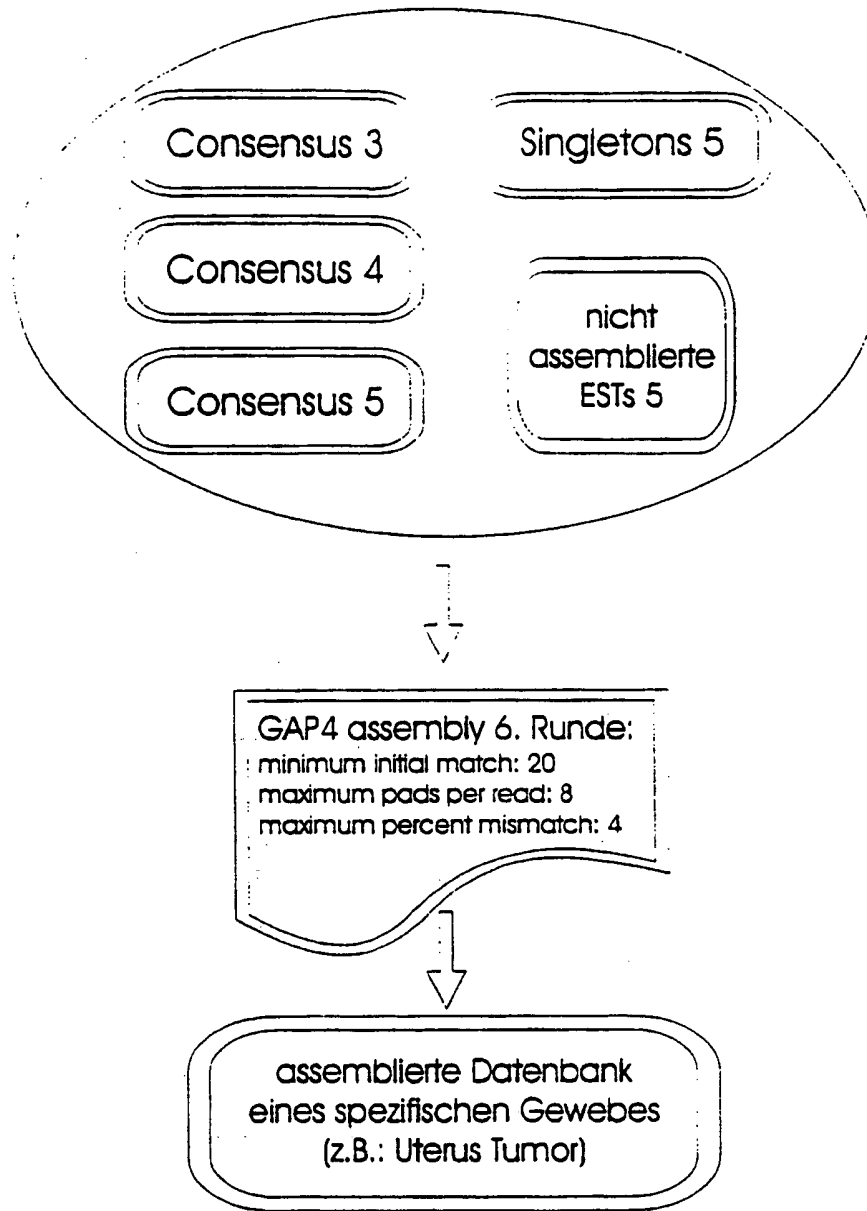
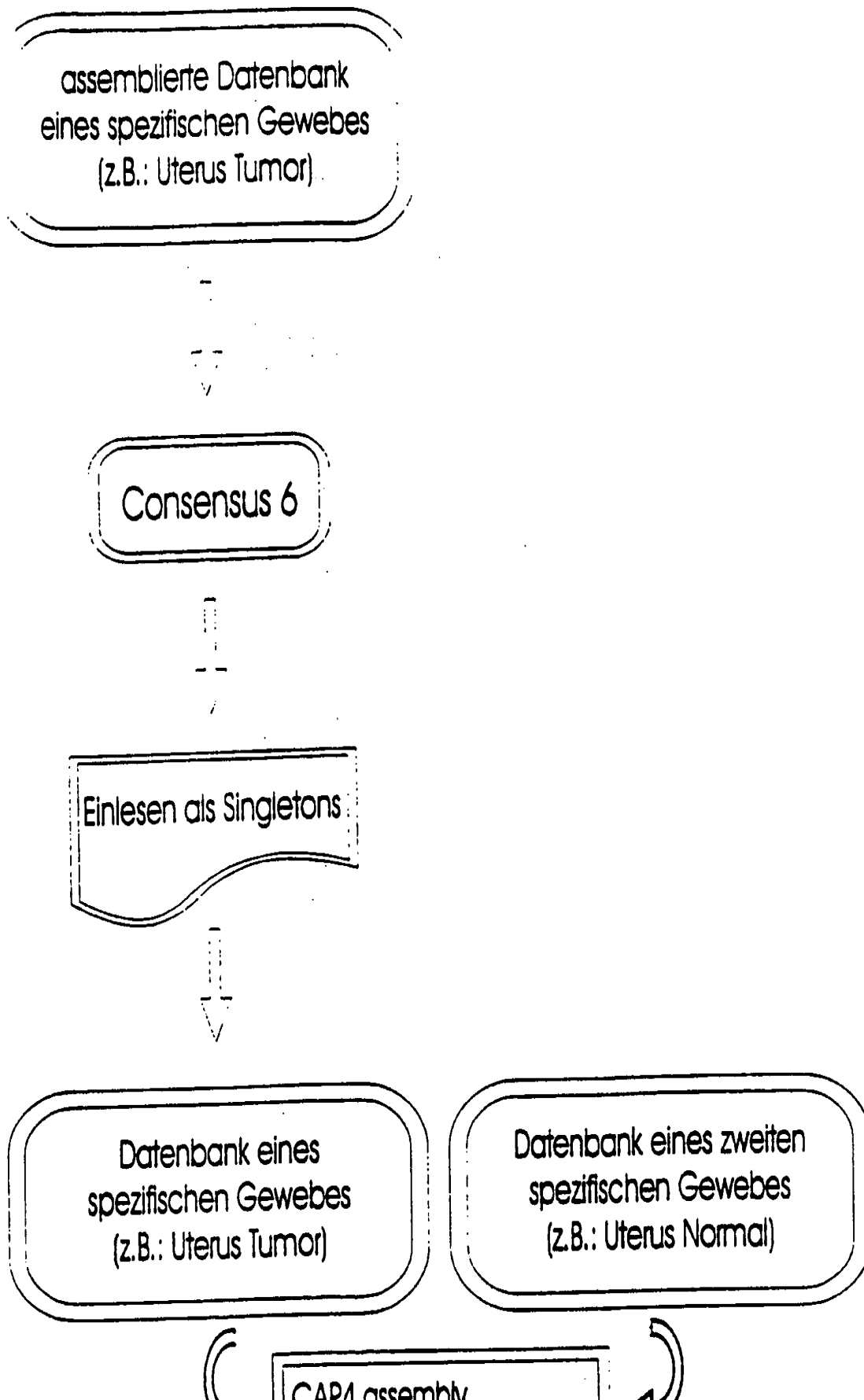


Fig. 2b3



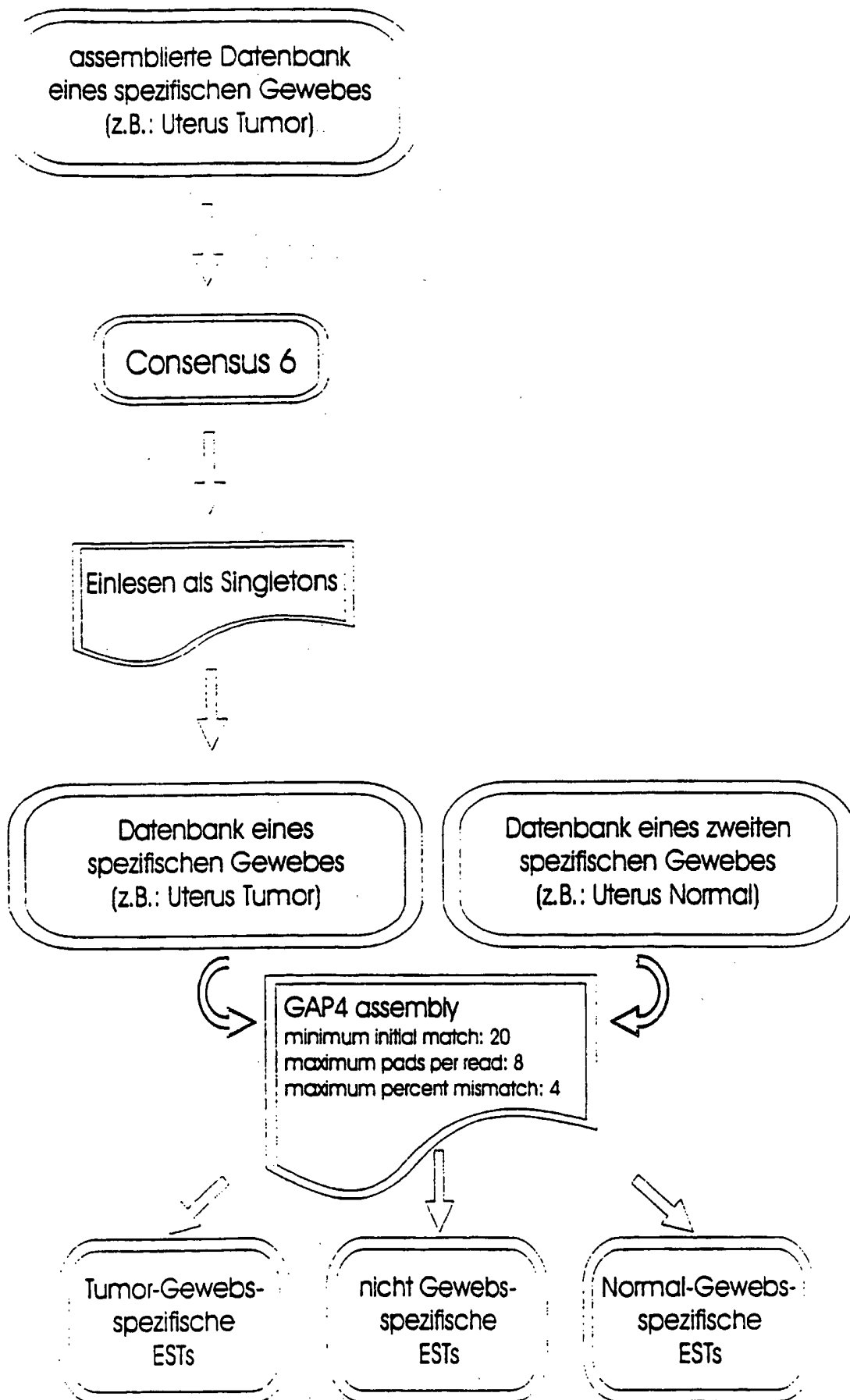


Fig. 2b4

Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

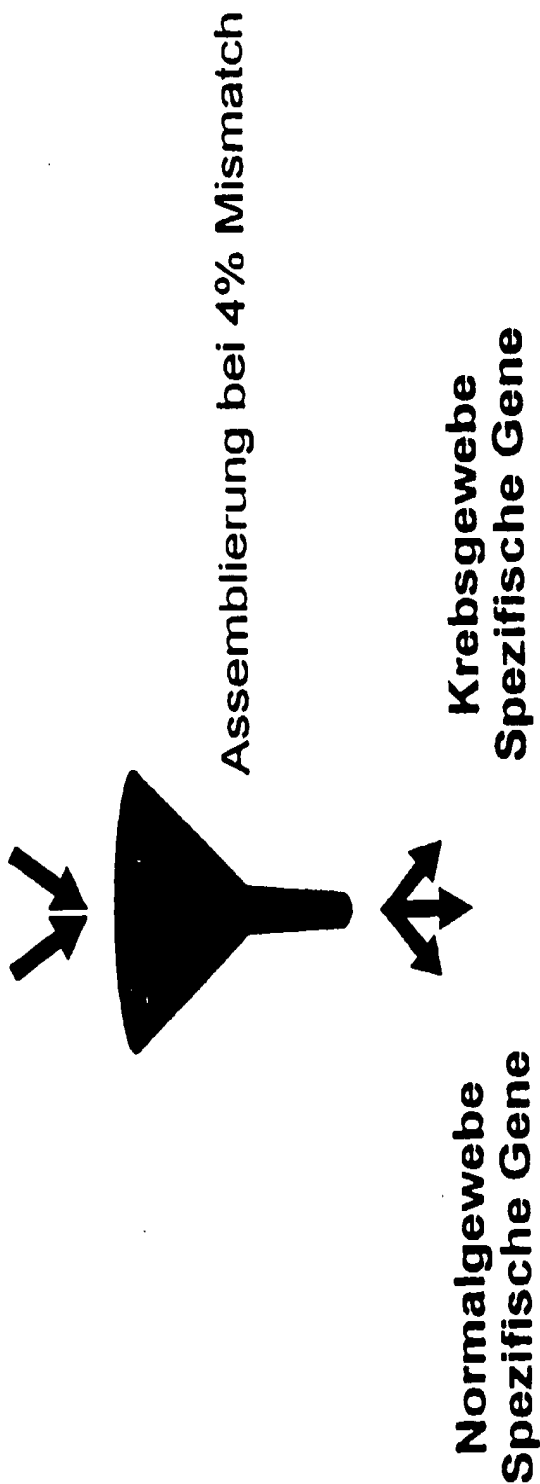
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



In beiden Geweben
exprimierte Gene

metagen
Genomik und Bioinformatik

Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

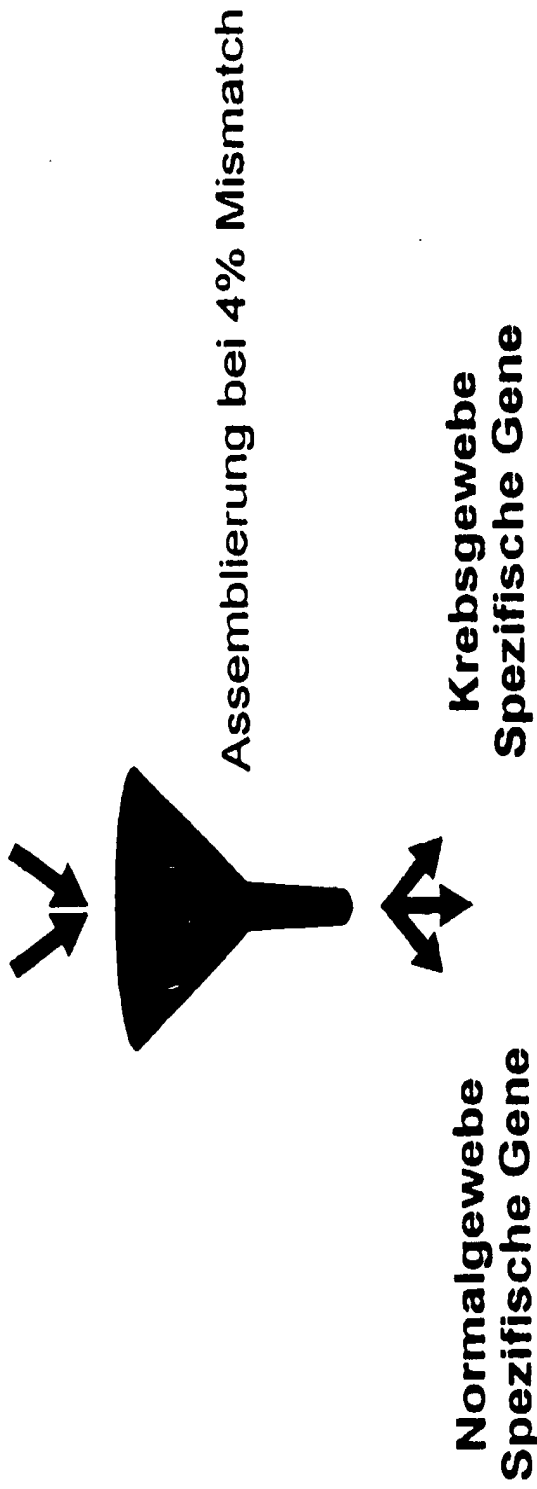
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



In beiden Geweben
exprimierte Gene

metagen



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren



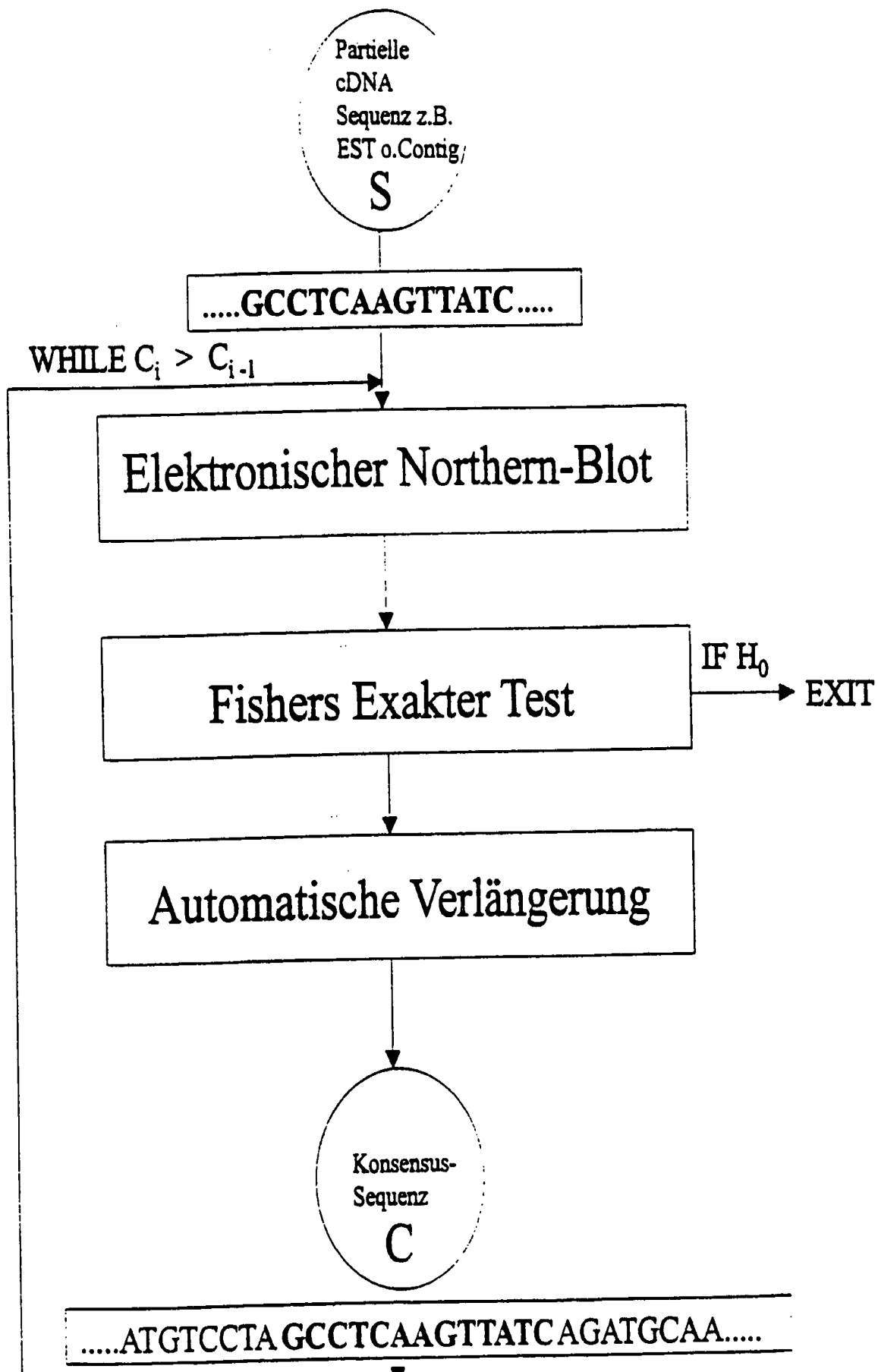
Gene von Interesse

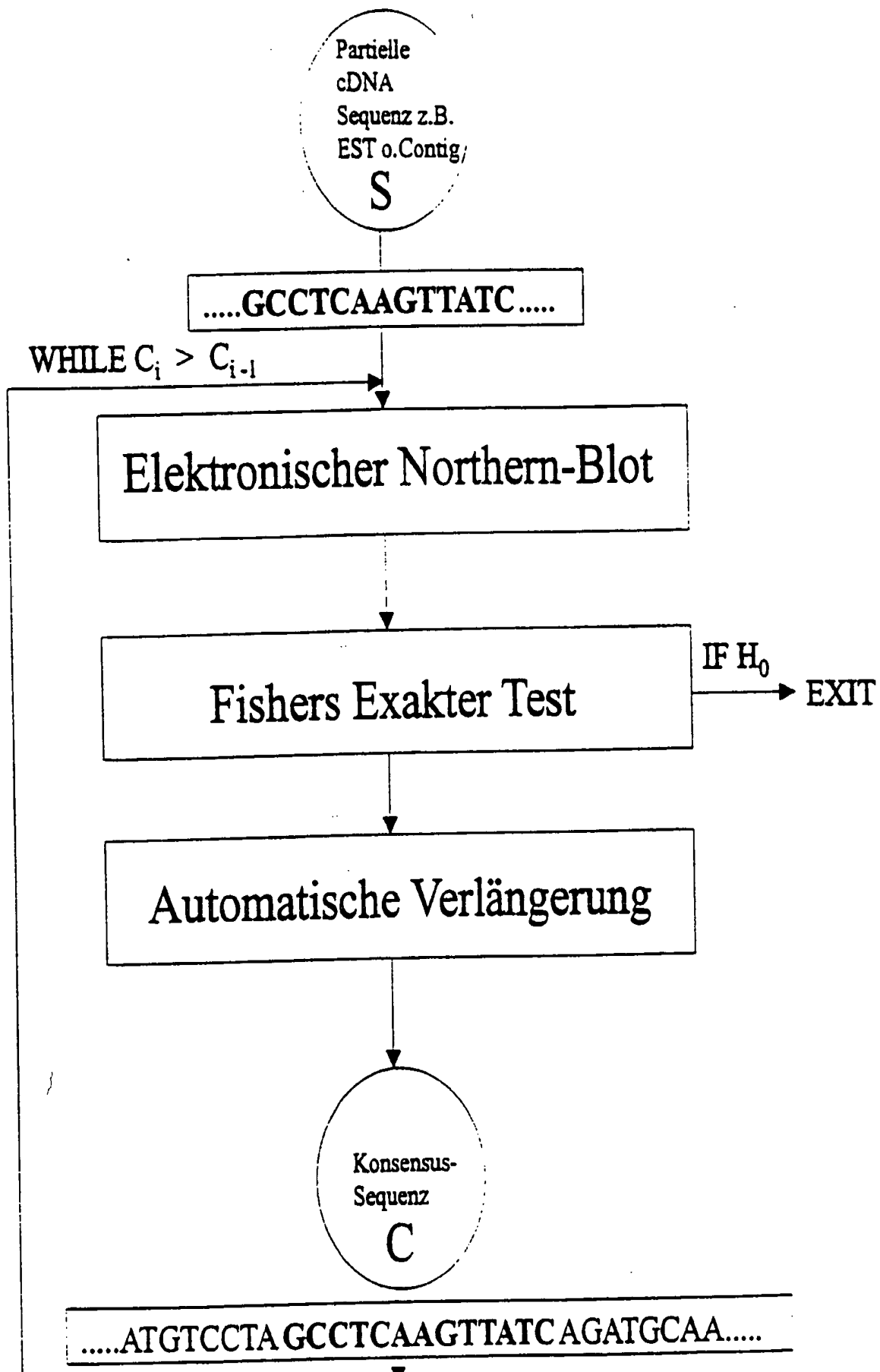


Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoralaktivatoren





Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben